

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



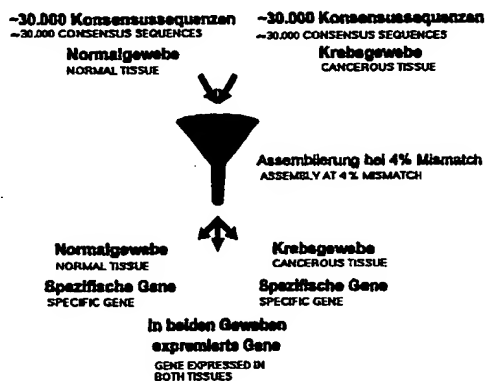
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C07K 14/47, C12N 15/10, 15/11, 15/12, 5/10, C07K 16/18, C12N 15/79		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54353 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01175 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 946.4 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).			(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
IN SILICO SUBTRACTION OF GENE EXPRESSION IN VARIOUS TISSUES



(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten

konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

5 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 aufweisen.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

20 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gen, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID 121 bis Seq. ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

- 5 minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %
10

Erklärung der Abbildungen

- 15 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq
 Datenbank.
 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
20 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in
 verschiedenen Geweben
25 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über
 elektronischen Northern.
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
30 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 27 gefunden, die 6,7 x stärker im normalen Uterusmyometrium als im Myomgewebe vorkommt und das humane gas 1 Gen darstellt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
5	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
25	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
30	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0979			
35	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			
45					

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
55	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
60	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
65	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef

	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
5	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
30	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
35	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0089	0.0041	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0025	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn 0.0044	0.0010	4.3198	0.2315
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0246			
	Nerven 0.0070			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0036
Lunge	0.0108
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0103	0.0144	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0196	0.0234	0.8375	1.1940
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0456			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0150	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0428	0.0060	7.1388	0.1401
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0546		0.0281		1.9415	0.5151
	Brust	0.0397		0.0169		2.3440	0.4266
	Duenndarm	0.0399		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0599		0.0312		1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0477		0.0226		2.1132	0.4732
10	Gastrointestinal	0.0134		0.0416		0.3221	3.1043
	Gehirn	0.0163		0.0205		0.7920	1.2627
	Haematopoetisch	0.0361		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0330		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0518		0.0000	undef
15	Herz	0.0159		0.0412		0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173		0.0117		1.4759	0.6775
	Lunge	0.0114		0.0225		0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0307		0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0137		0.0360		0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0149		0.0497		0.2991	3.3428
	Penis	0.0449		0.0800		0.5616	1.7807
	Prostata	0.0305		0.0405		0.7543	1.3258
	Uterus_Endometrium	0.0338		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0915		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480					
	Prostata-Hyperplasie	0.0446					
	Samenblase	0.0801					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286					
	Zervix	0.0532					
FOETUS							
35	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0639					
	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0472					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0253					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0556					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
50	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0557					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
55	Foetal	0.0198					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.1253					
	Haut-Muskel	0.0745					
	Hoden	0.0000					
60	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0310					
	Uterus_n	0.0291					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust 0.0166	0.0376	0.4423	2.2607
	Duennndarm 0.0399	0.0331	1.2049	0.8299
	Eierstock 0.0270	0.0546	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0075	4.5283	0.2208
10	Gastrointestinal 0.0441	0.0278	1.5877	0.6299
	Gehirn 0.0140	0.0288	0.4885	2.0469
	Haematopoetisch 0.0361	0.0758	0.4764	2.0991
	Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz 0.0244	0.1375	0.1773	5.6394
	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0274	0.0300	0.9138	1.0944
20	Niere 0.0516	0.0342	1.5068	0.6637
	Pankreas 0.0215	0.0221	0.9722	1.0286
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0458	0.0277	1.6535	0.6048
	Uterus_Endometrium 0.0608	0.2111	0.2881	3.4714
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0595			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1006			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0417			
	Gastrointestinal 0.0222			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0157			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0036			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0545			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0151			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0194			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0060			
	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0179	0.0150	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0067	0.0236	0.2817	3.5496
	Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.1695	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0468	0.1230	8.1305
	Lunge	0.0145	0.0143	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0149	0.0387	0.3846	2.6000
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0392	0.0490	0.8011	1.2483
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559	0.1273
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0354			
40	Haut	0.5025			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

EI ktronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0166	0.0395	0.4213	2.3737
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0329	0.0260	1.2664	0.7897
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0050	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0144	0.5657	1.7678
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0476	0.0065	7.3530	0.1360
15	Herz	0.0148	0.0687	0.2159	4.6324
	Hoden	0.0575	0.0234	2.4599	0.4065
	Lunge	0.0270	0.0041	6.6045	0.1514
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0307	1.5757	0.6347
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0269			
	Zervix	0.0319			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0911			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0217	0.0094	2.3138	0.4322
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0312	0.0123	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0507			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0613	0.9534	1.0489
	Brust	0.0307	0.0789	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157	0.7600
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423	1.1873
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401	1.5623
	Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071	1.4142
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0518	0.6434	1.5543
15	Herz	0.0477	0.0825	0.5782	1.7294
	Hoden	0.0518	0.0585	0.8856	1.1292
	Lunge	0.0602	0.0368	1.6370	0.6109
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0613	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0240	1.3564	0.7373
20	Niere	0.0299	0.0479	0.6231	1.6049
	Pankreas	0.0182	0.0442	0.4113	2.4312
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0660	0.6604	1.5142
	Uterus_Endometrium	0.1284	0.7916	0.1622	6.1662
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0688			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.1272			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0786			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0778			
60	Hoden	0.1080			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0402			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1560	0.0460	3.3899	0.2950
	Brust	0.1113	0.0414	2.6912	0.3716
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0629	0.0416	1.5110	0.6618
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0527	0.6469	1.5458
10	Gastrointestinal	0.0824	0.0139	5.9364	0.1685
	Gehirn	0.0140	0.0585	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0847	1.9927	0.5018
	Hepatisch	0.0904	0.0259	3.4927	0.2863
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0592	0.0286	2.0684	0.4835
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0891	0.1080	0.8249	1.2122
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas	0.0248	0.0166	1.4957	0.6686
	Penis	0.0629	0.0267	2.3586	0.4240
	Prostata	0.1700	0.0873	1.9474	0.5135
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.1040			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2150			
	Zervix	0.2555			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0361			
	Nebenniere	0.0507			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0377			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0774			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0665	1.1147	0.8971
	Brust	0.0384	0.0376	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0307	0.0662	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0389	0.0182	2.1380	0.4677
	Endokrines Gewebe	0.0715	0.0978	0.7315	1.3671
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0139	1.9328	0.5174
	Gehirn	0.1878	0.2331	0.8056	1.2413
	Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0761	0.0776	0.9804	1.0200
15	Herz	0.0212	0.2474	0.0857	11.6735
	Hoden	0.1496	0.0351	4.2638	0.2345
	Lunge	0.0229	0.0204	1.1177	0.8947
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.1370	0.0600	2.2844	0.4378
20	Niere	0.0299	0.0274	1.0904	0.9171
	Pankreas	0.0297	0.0166	1.7949	0.5571
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0588	0.0447	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0204	7.4818	0.1337
	Uterus_allgemein	0.0407	0.1908	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.2314			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0745			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0417			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0816			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2025			
55	Endokrines Gewebe	0.0979			
	Foetal	0.0361			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0653			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0542			
65	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0537	0.5085	1.9666
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0180	0.0208	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0276	0.8027	1.2457
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0214	0.0349	0.6141	1.6284
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz	0.0477	0.0412	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0229	0.0143	1.5967	0.6263
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0231	0.0994	0.2327	4.2979
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0610	0.0873	0.6991	1.4305
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.2111	0.4161	2.4032
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0272	3.0862	0.3240
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0954	0.5871	1.7032
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0941			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0319			
	FOETUS				
35	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0583			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.1497			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1418			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0648			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0547			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0136	7.2947	0.1371
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust 0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0111	0.0133	0.8307	1.2038
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0042	0.0550	0.0771	12.9706
	Hoden 0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge 0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere 0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0610	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0194			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0079			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0217			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0242			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0340			
	Eierstock_n 0.1595			
	Eierstock_t 0.0658			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0076			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0065			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0040			
	Prostata 0.0205			
	Sinnesorgane 0.0232			
65	Uterus_n 0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0844	1.0170	0.9833
	Brust	0.0972	0.1053	0.9236	1.0828
	Duennndarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1677	0.0676	2.4796	0.4033
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0843	0.1573	0.5360	1.8657
	Gehirn	0.0791	0.1171	0.6758	1.4798
	Haematopoetisch	0.1043	0.0758	1.3762	0.7266
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0285	0.1423	0.2005	4.9866
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0460	0.1286	0.3578	2.7949
	Lunge	0.0582	0.0634	0.9177	1.0896
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0920	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0702	0.1500	0.4683	2.1354
20	Niere	0.0380	0.1232	0.3084	3.2425
	Pankreas	0.0578	0.1988	0.2908	3.4383
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1351	0.1277	1.0577	0.9454
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.1579	0.1908	0.8273	1.2088
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1367			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0850			
	Zervix	0.0958			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1138			
	Gehirn	0.1439			
	Haematopoetisch	0.0472			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0569			
	Lunge	0.0939			
	Nebenniere	0.0761			
45	Niere	0.1112			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0211			
	Prostata	0.0889			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	0.0179	1.0896	0.9178	
	Brust	0.0230	0.0150	0.0150	1.5312	0.6531	
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.0165	0.5561	1.7982	
	Eierstock	0.0120	0.0104	0.0104	1.1513	0.8686	
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.0201	0.4245	2.3555	
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0059	0.0257	0.0257	0.2304	4.3405	
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0184	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0190	0.0065	0.0065	2.9412	0.3400	
15	Herz	0.0127	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0230	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0229	0.0286	0.0286	0.7983	1.2526	
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	0.0153	1.2605	0.7933	
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	0.0120	1.1422	0.8755	
20	Niere	0.0109	0.0411	0.0411	0.2643	3.7829	
	Pankreas	0.0033	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0150	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0327	0.0213	0.0213	1.5354	0.6513	
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0416					
	Samenblase	0.0445					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1119					
	Zervix	0.0319					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0520					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0217					
45	Nebenniere	0.1268					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0251					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0272					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0929					
65	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583
	Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0690	0.6780	1.4750
	Brust	0.0153	0.0113	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.2417	0.1489	1.6236	0.6159
	Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0710	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.4430	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0686	0.0470	1.4578	0.6859
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0299	0.0411	0.7270	1.3756
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.1547	0.0596	2.5956	0.3853
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1143	0.0340	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0611	0.5725	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.1962			
	Samenblase	0.2492			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.2768			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0438			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0512			
	Prostata	0.0547			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0473	0.0207	2.2890	0.4369
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0226	0.5283	1.8928
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0231	0.9112	1.0975
	Gehirn	0.0067	0.0246	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0343	0.0020	16.7651	0.0596
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0420	0.4895	2.0428
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0458	0.0426	1.0748	0.9304
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.1908	0.0801	12.4905
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0319			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0502			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust 0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm 0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0060	0.0130	0.4605	2.1715
	Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0201	1.1038	0.9060
10	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0185	0.0267	0.6923	1.4445
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden 0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
20	Niere 0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0125			
	Haematopoetisch 0.0236			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0534			
	Lunge 0.0145			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0364			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0557			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0105			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0130			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0080			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0234	0.8954	1.1168
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0231	0.1657	6.0362
	Gehirn	0.0126	0.0175	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0068	11.2227	0.0891
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0197			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0506			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0179	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0075	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0096	0.0113	0.8509	1.1753
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
25	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0426			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.1224			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.4367	0.1227	3.5594	0.2809
	Brust 0.0256	0.0320	0.8006	1.2490
	Duenndarm 0.1104	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0569	0.0260	2.1874	0.4572
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal 0.1150	0.0139	8.2834	0.1207
	Gehirn 0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
	Haematopoetisch 0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
15	Herz 0.0763	0.0412	1.8503	0.5404
	Hoden 0.0748	0.0117	6.3957	0.1564
	Lunge 0.0416	0.0245	1.6934	0.5905
	Magen-Speiseroehre 0.1546	0.0690	2.2409	0.4462
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0360	0.6663	1.5009
20	Niere 0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0017	0.1657	0.0100	100.2850
	Penis 0.2605	0.0800	3.2571	0.3070
	Prostata 0.1242	0.1256	0.9889	1.0112
	Uterus_Endometrium 0.2838	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.3201	0.1087	2.9459	0.3394
	Uterus_allgemein 0.2292	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288			
	Prostata-Hyperplasie 0.0951			
	Samenblase 0.3382			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0295			
	Zervix 0.1278			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0805			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0275			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0361			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0309			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0304			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0854			
	Haematopoetisch 0.0228			
	Haut-Muskel 0.0097			
60	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0491			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0410			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.1582			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0613	0.8263	1.2102	
	Brust	0.0294	0.0395	0.7453	1.3417	
	Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487	
	Eierstock	0.0479	0.0468	1.0233	0.9772	
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0301	1.5849	0.6309	
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0740	0.3624	2.7594	
	Gehirn	0.0281	0.0534	0.5261	1.9007	
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669	
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0238	0.0323	0.7353	1.3600	
15	Herz	0.0435	0.0275	1.5805	0.6327	
	Hoden	0.0230	0.1637	0.1406	7.1142	
	Lunge	0.0623	0.0716	0.8709	1.1482	
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444	
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017	
20	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363	
	Pankreas	0.0215	0.0884	0.2431	4.1143	
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259	
	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769	
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713	
	Uterus_allgemein	0.0306	0.6679	0.0457	21.8583	
	Brust-Hyperplasie	0.0128				
	Prostata-Hyperplasie	0.0268				
	Samenblase	0.1513				
30	Sinnesorgane	0.1176				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121				
	Zervix	0.0213				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0278				
	Gastrointestinal	0.0528				
	Gehirn	0.0188				
40	Haematopoetisch	0.0315				
	Haut	0.2513				
	Hepatisch	0.0260				
	Herz-Blutgefuesse	0.0462				
	Lunge	0.0542				
45	Nebenniere	0.0254				
	Niere	0.0927				
	Placenta	0.0242				
	Prostata	0.0499				
	Sinnesorgane	0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0272				
	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0608				
55	Endokrines_Gewebe	0.0490				
	Foetal	0.0163				
	Gastrointestinal	0.0122				
	Haematopoetisch	0.0114				
	Haut-Muskel	0.0292				
60	Hoden	0.0077				
	Lunge	0.0410				
	Nerven	0.0070				
	Prostata	0.0410				
	Sinnesorgane	0.0000				
65	Uterus_n	0.0083				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0256	0.4576	2.1852
	Brust	0.0205	0.0132	1.5555	0.6429
	Duenn darm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0100	0.5094	1.9630
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0244	0.0825	0.2955	3.3836
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0478	0.0307	1.5580	0.6419
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1233	0.0120	10.2798	0.0973
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0497	0.1330	7.5214
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0356			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0268			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0256	3.8136	0.2622
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0291	0.0164	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0409	0.3814	2.6222
	Brust	0.0243	0.0376	0.6465	1.5468
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0210	0.0286	0.7326	1.3650
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0370	0.8801	1.1362
	Gehirn	0.0207	0.0534	0.3877	2.5795
	Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0551	0.0275	2.0045	0.4989
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0436	0.0552	0.7903	1.2654
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0660	0.3894	2.5681
20	Niere	0.0136	0.0342	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0099	0.0276	0.3590	2.7857
	Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0486			
	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0393			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0658			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0716	0.7082	1.4119
	Brust	0.0895	0.0827	1.0827	0.9237
	Duennndarm	0.0583	0.0331	1.7610	0.5679
	Eierstock	0.1587	0.1509	1.0520	0.9506
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0677	0.8553	1.1691
10	Gastrointestinal	0.0747	0.1619	0.4615	2.1668
	Gehirn	0.0377	0.0791	0.4769	2.0971
	Haematopoetisch	0.0762	0.0758	1.0057	0.9943
	Haut	0.0477	0.4237	0.1126	8.8784
	Hepatisch	0.0190	0.0841	0.2262	4.4200
15	Herz	0.0689	0.0550	1.2528	0.7982
	Hoden	0.0288	0.2105	0.1367	7.3174
	Lunge	0.0499	0.1063	0.4690	2.1324
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0960	0.3569	2.8016
20	Niere	0.0652	0.1164	0.5598	1.7864
	Pankreas	0.0463	0.0718	0.6443	1.5520
	Penis	0.0749	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0894	0.0958	0.9326	1.0722
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.1055	0.7042	1.4201
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.1290	0.5316	1.8811
	Uterus_allgemein	0.1273	0.3817	0.3336	2.9977
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.1338			
	Samenblase	0.1691			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0451			
	Zervix	0.0532			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1638	0.0486	3.3720	0.2966
	Brust	0.2149	0.1015	2.1172	0.4723
	Duendarm	0.0705	0.0331	2.1317	0.4691
	Eierstock	0.2306	0.0416	5.5404	0.1805
	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0251	3.1925	0.3132
10	Gastrointestinal	0.0881	0.1110	0.7938	1.2597
	Gehirn	0.0606	0.0472	1.2834	0.7792
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.2166	0.0847	2.5559	0.3913
	Hepatisch	0.0666	0.0259	2.5735	0.3886
15	Herz	0.1293	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0920	0.0468	1.9679	0.5082
	Lunge	0.1226	0.0593	2.0672	0.4838
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0920	0.5252	1.9040
	Muskel-Skelett	0.2073	0.2700	0.7678	1.3024
20	Niere	0.1032	0.0068	15.0677	0.0664
	Pankreas	0.0281	0.0663	0.4238	2.3596
	Penis	0.1377	0.0267	5.1665	0.1936
	Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1906	0.1494	1.2753	0.7841
	Uterus_allgemein	0.3310	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2782			
	Prostata-Hyperplasie	0.0981			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.1491			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.0833			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0889			
	Lunge	0.1012			
	Nebenniere	0.1268			
45	Niere	0.0432			
	Placenta	0.2969			
	Prostata	0.1496			
	Sinnesorgane	0.0502			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.7974			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0641			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.2613	0.2147	1.2167	0.8219
	Brust	0.2085	0.1767	1.1801	0.8474
	Duennndarm	0.1349	0.2150	0.6274	1.5939
	Eierstock	0.1587	0.1405	1.1299	0.8850
	Endokrines_Gewebe	0.2146	0.1204	1.7830	0.5608
10	Gastrointestinal	0.2088	0.1573	1.3278	0.7531
	Gehirn	0.1974	0.1776	1.1112	0.9000
	Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0714	0.0906	0.7878	1.2693
15	Herz	0.2173	0.3574	0.6079	1.6450
	Hoden	0.0805	0.1169	0.6888	1.4519
	Lunge	0.1195	0.2433	0.4910	2.0368
	Magen-Speiserohre	0.1643	0.1150	1.4286	0.7000
	Muskel-Skelett	0.1422	0.2400	0.5925	1.6877
20	Niere	0.1385	0.2396	0.5778	1.7307
	Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414	1.1886
	Penis	0.1347	0.0267	5.0542	0.1979
	Prostata	0.1831	0.2385	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.2973	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.2134	0.1630	1.3093	0.7638
	Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2430			
	Prostata-Hyperplasie	0.1486			
	Samenblase	0.1958			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2315			
	Zervix	0.0745			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1250			
	Gehirn	0.0751			
	Haematopoetisch	0.1022			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.1174			
	Lunge	0.1806			
	Nebenniere	0.0761			
45	Niere	0.1915			
	Placenta	0.2666			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.4785			
	Eierstock_t	0.0456			
55	Endokrines_Gewebe	0.0979			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0901			
	Nerven	0.0592			
	Prostata	0.3146			
	Sinnesorgane	0.0232			
65	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1131		0.1534	0.7373	1.3563
	Brust	0.1215		0.1165	1.0427	0.9590
	Duenn darm	0.1594		0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.2935		0.1405	2.0893	0.4786
	Endokrines Gewebe	0.0801		0.0928	0.8628	1.1590
10	Gastrointestinal	0.1379		0.1897	0.7273	1.3749
	Gehirn	0.0495		0.1540	0.3216	3.1096
	Haematopoetisch	0.1417		0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0991		0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333		0.2006	0.1660	6.0228
15	Herz	0.1304		0.1237	1.0537	0.9491
	Hoden	0.0805		0.1520	0.5298	1.8874
	Lunge	0.0800		0.1615	0.4952	2.0195
	Magen-Speiserohre	0.0966		0.1303	0.7415	1.3486
	Muskel-Skelett	0.0651		0.0540	1.2057	0.8294
20	Niere	0.0462		0.1643	0.2809	3.5604
	Pankreas	0.0892		0.1325	0.6731	1.4857
	Penis	0.1497		0.0800	1.8719	0.5342
	Prostata	0.1286		0.1022	1.2582	0.7948
	Uterus_Endometrium	0.1824		0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1677		0.1698	0.9876	1.0126
	Uterus_allgemein	0.1222		0.0954	1.2810	0.7807
	Brust-Hyperplasie	0.1599				
	Prostata-Hyperplasie	0.2348				
	Samenblase	0.3738				
30	Sinnesorgane	0.0470				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0642				
	Zervix	0.0852				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.2388				
	Gehirn	0.2377				
40	Haematopoetisch	0.1140				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0260				
	Herz-Blutgefuesse	0.0996				
	Lunge	0.2348				
45	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.1668				
	Placenta	0.0364				
	Prostata	0.1995				
	Sinnesorgane	0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
	Eierstock_n	0.1595				
	Eierstock_t	0.0608				
55	Endokrines Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0047				
	Gastrointestinal	0.0488				
	Haematopoetisch	0.1025				
	Haut-Muskel	0.0097				
60	Hoden	0.0154				
	Lunge	0.0328				
	Nerven	0.0100				
	Prostata	0.0615				
	Sinnesorgane	0.0000				
65	Uterus_n	0.0042				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0195	0.0070	2.7658	0.3616
	Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0018	3.6835	0.2715
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0132	0.0078	1.6882	0.5923
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0222	0.0046	4.8192	0.2075
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0493			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
	Duendarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0026	1.8088	0.5529
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0108	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0062	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0028	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0019	5.9354	0.1685
	Gehirn	0.0048	0.0010	4.8361	0.2068
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0108	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0123	0.0126	0.9741	1.0266
	Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0048	1.8665	0.5358
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0052	0.0100	0.5222	1.9149
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0092	0.4210	2.3755
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0514	0.0037	13.9166	0.0719
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6855
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0163	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0574	0.0272	2.1155	0.4727
	Blase	0.0585	0.0329	1.7780	0.5624
	Brust	0.0466	0.0141	3.3189	0.3013
	Dickdarm	0.0153	0.0285	0.5382	1.8579
	Duenndarm	0.0357	0.0107	3.3495	0.2986
10	Eierstock	0.0623	0.0310	2.0101	0.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0482	0.0284	1.6975	0.5891
	Gehirn	0.0139	0.0259	0.5356	1.8670
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0444	0.1046	9.5570
15	Herz	0.0183	0.0550	0.3323	3.0096
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0117	0.0203	0.5741	1.7420
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0320	0.9068	1.1027
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0222	0.6958	1.4371
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0198	0.0552	0.3590	2.7856
	Prostata	0.0311	0.0260	1.1938	0.8377
	T_Lymphom	0.0556	0.0448	1.2398	0.8066
	Uterus	0.0473	0.0046	10.281	0.0973
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0253	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0374			
	Penis	0.0402			
	Samenblase	0.0633			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0666			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
55	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0745			
	Hoden_n	0.0042			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0428			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0624	0.0188	3.3190	0.3013
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0575	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0329	0.0426	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0053	0.0000	undef
	Gehirn	0.0023	0.0040	0.5803	1.7234
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0232	0.0063	3.6622	0.2731
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0415	0.0195	2.1223	0.4712
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0547	0.0184	2.9719	0.3365
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.1260			
	Samenblase	0.0422			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0081			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden_n	0.0000			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0315			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem Kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen

Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

5

Referenzen zu den Modulen:

- 10 Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)
PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

15

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	Chicken mRNA for leucine zipper protein		1780	17q11.2-q21.31	D17S800-D17S791
2	erhöht	unbekannt		1637	5q32-q33.1	D5S470-D5S410
3	erhöht	unbekannt		619		
4	erhöht	Brachydanio rerio growth-associated protein		422		
5	erhöht	unbekannt	"trypsin"	1194		
6	erhöht	unbekannt		231		
7	erhöht	unbekannt		1776	Xp11.23-p21.1	DXS1201-DXS1039
8	erhöht	unbekannt		1242	19q13.2	D19S224-D19S421
9	erhöht	unbekannt		553	1q21.2-q22	D1S305-D1S2635
10	erhöht	Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22		1246	22q12.3-q13.1	
11	erhöht	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsc6/8 secretory complex p71		1721	14q22.3	WI-6414
12	erhöht	unbekannt	2x "EGF"	1074		
13	erhöht	unbekannt		194	13	D1S305-D1S2635
14	erhöht	unbekannt		218	5q32-q33.1	D5S1838
15	erhöht	S. pombe chromosome I cosmid c1B3		746	8q	D8S1836-qTel
16	erhöht	Human angiotensinogen-1 Homolog	"fibrinogen_C"	2784	9q33.3-q34.11	D9S282-D9S260
17	erhöht	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87		806	X	DXS366 and DXS87
18	erhöht	S. cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610		1534		
19	erhöht	unbekannt	"vwc"	807		
20	erhöht	unbekannt		3389	4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427
21	erhöht	H.sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase		1919	Xp21.3-p22.11	
22	erhöht	Human MHC protein homologous to chicken B complex protein	"G-beta"	280		
23	erhöht	Human 1-8U gene		451		
24	erhöht	Human BTG1	"Anti_proliferat"	1011		
25	erhöht	H.sapiens mRNA for HLA-E heavy chain		302		
26	erhöht	Human ADP-ribosylation factor 1	"arf"	1931	1q41	SHGC-9863
27	erhöht	Human gas1		1464		

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus- Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldete n Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
28	erhöht	Human cellular oncogene c-fos	"bZIP"	2103	14q23.3	D14s76
29	erhöht	Human apolipoprotein J	"Clusterin"	975	8p21.3-p21.2	D8S1089
30	erhöht	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	9x "KH-domain"	3061	2q37.3	SHGC-8022
32	erhöht	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	"COILS", "COLLAGEN_ REP"	2592		
33	erhöht	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	"COILS"	884		
34	erhöht	Human Insulinoma gene	"S19"	493		
35	erhöht	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	"Rhodanese", "DSPC"	913		
36	erhöht	Human alternatively spliced CUTL1	"COILS"	1917	7q22.1-q31.31	D7S658
37	erhöht	Human apM2 mRNA for GS2374		518		
38	erhöht	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	2x "wap"	634	20q13.2-q13.13	
39	erhöht	Human prostaglandin D synthase	"lipocalin"	879	9q34.13-q34.3	D9S158
40	erhöht	Human breast epithelial antigen BA46	"EGF", 2x "F5_F8_type_C"	2015		
41	erhöht	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	3x "zf-C2H2"	732	5q31.1	SHGC-11945
42	erhöht	Human GTP-binding protein (rhoA)	"ras"	691	3p21.1-p22.1	D3S3344
43	erhöht	Human triosephosphate isomerase mRNA		579		
44	erhöht	Human mRNA for phosphoinositide 3-kinase II beta subunit	"CK_II_beta"	968		
45	erhöht	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein		1175	Xp11.23-p22.11	
46	erhöht	Human interferon-inducible protein 9-27		851	11p15.3-p15.5	
47	erhöht	Human c-jun proto oncogene	"bZIP"	1049	1p32.1-p32.2	
48	erhöht	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67		1375		
49	erhöht	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	4x "Filamin"	2443		
50	erhöht	H.sapiens mRNA for supt5h		2693		
51	erhöht	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pl-1)	"gluts"	877	11q13.2-q13.4	
52	erhöht	Human CAPL protein		548	1q12	

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Normalgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
53	erhöht	lymphocyte-specific protein 1=47 kda acin binding protein	2x "trypsin"	1221		
54	erhöht	beta-tryptase		252		
55	erhöht	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH)		733		
56	erhöht	Human calcyclin gene	"S_100", "efhand"	720		
57	erhöht	Human cathepsin D	"asp"	2124	11p15.5	
58	erhöht	DNA sequence coding for human glutathione peroxidase	"GSHPx"	928	3p21.31-p21.2	D3S3092;D3S337
59	erhöht	Human Csa-19	"Ribosomal_L1"	297		
60	erhöht	Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein	5x "LRR"	1837		
61	erhöht	Human heart mRNA for heat shock protein 90		1346	11p12-q13.1	
62	erhöht	H.sapiens BBC1	2x "Ribosomal_L13e"	251		
121	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 1		1939	17q11.2-q21.31	
122	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 3		1194		
123	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 6		560		
124	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 11		3770	14q22.3	WI-6414
125	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 16	"fibrinogen_C"	3541	9q33.3-q34.11	D9S282-D9S260
126	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 18		2050		
127	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 20		3968	4q28.1-q31.1	D4S1580-D4S427

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.

Peptid-Sequenzen
(ORF's Seq. ID. No.)

1	63
	64
	65
2	66
	67
	68
3	69
	70
	71
4	72
	73
	74
5	75
	76
	77
6	78
	79
	80
7	81
	82
8	83
	84
	85
9	86
	87
	88
10	89
	90
	91
11	92
	93
	94
12	95
	96
13	97

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.

Peptid-Sequenzen
(ORF's) .Seq. ID No.

13	98
	99
14	100
	101
	102
15	103
	104
	105
16	106
	107
17	108
	109
18	110
	111
19	112
	113
	114
20	115
	116
	117
121	131
	132
	133
122	134
	135
	136
123	137
	138
	139
124	140
	141
	142
125	143
	144
	145
126	146
	147

DNA-S quenzen S q. ID. N .

127

P ptid-S qu nz n
(ORF's) .S q. ID No.

148

149

150

151

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

5 **Sequenzprotokoll**

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- 10 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
15 (G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

- 20 **(ii) TITEL DER ERFINDUNG:** Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Uterusnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 144

25 **(iv) COMPUTER READABLE FORM:**

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
30 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 **(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 **(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 **(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5  tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
   caccaagccc cggccgacct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
   gcgctcctgt gtacagggtgc ataaacacat cagtgtgcc a tccctcacat gcatgtcgtt 180
   cccccccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tcctctggga ccctctgcag 240
   atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtca ttctgctctg tcttccccac 300
   tgccctcagtt tccccaaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
10  gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtcgcc 420
   cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgaagcg aatgacagca gctgggtggg 480
   tggtgtgggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttctggagg 540
   tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
   aatgcgaaaag aggaagttcg gaaggagcga ggaatggggt ggggtggcagc gggggccgct 660
15  cagttgctgt cgctcttgct caccagcacg gcgtccgact cctcggatgat ctccagcagc 720
   gcgtgcacgt cggggtgct cccgcgcgc aggtcgcgcg cctccccccg ctccgcccac 780
   ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cactttggcc tcgcggatct tcttgacgtg 840
   gaagggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttggag cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
   gggcgtgaag gatttgcgca acttgtcccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
20  gggcaccagg cgcgtgcccc gcttgttcat gcgttctcc aggggtgtgcc gcgtcttctc 1020
   caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccagggtc tcgcgggtac gcaccttgg 1080
   cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtcg tccacgcgcc gcaggccctg 1140
   cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgctcgtcc 1200
   gacgaaagct ccagcgccgc tgcgtcctcc tcgggcgcgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
25  cctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggcc 1320
   ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg actttaagtg tgcggcgccg cagcagctcg 1380
   gcctcgttga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg 1440
   gtcttcacgt tgacgctgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc 1500
   gtgggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgcc 1560
30  tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc 1620
   ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcagccgt tcacctggtc cgacttgatc 1680
   agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgtgcct gagccccagc ggaggaagct 1740
   ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcggccgc 1780

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
   tctattttta tcacaatgac cttagagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
   atccccctctg gaggggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
   gtgatttccc ttaggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
10 gactttacct gattgccctc agtttggggg tgcttatttg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttggtac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcagg ctgtgaaatgc attccatgat 600
   attaggaagt cggggtggg tggtggtggt gggctagtgt ggtttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
15 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
   gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
   tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagtggctg gtagagcctt cttagaggttc agaattattag cttcaggatc agctgggggt 1020
20 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag ttgggtttg ggacttaccg gggatggtt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
   aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
25 ctgggtccct ttagcacag gagactggg ctaagggcc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccaggag 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgctg gctgttctct 1500
   cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctg cattcatctg 1620
30 caaaaaaaaa aattttc
                                     1637

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

55

```

cggctcgagg tgccccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60

```

```

cccagagaag aggcgggggc tgtacctcac agtccccccag tgcctcttgg agaaaccagg120
gtccccctca gccacccctg ccccaggggg tggcgagat gaccccggtg agctcggggc180
ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctggggggc ccgctggggg ggaggcccag240
gcagaacctt gcatggacct tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga300
5  tgacggccca ggccctggtt ctctgccag cgaagaggag tagctgccgg gccccacgag360
cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc420
aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc480
gccagagagg ggaaggtacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccgcgttgtt acaggacact540
cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgacgc caccgcggcc caatgtcacc600
10  ttccagaag cgtcctgtg                                     619

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

35  tcgtccaaaa catccggtat cccccaagc cccagaccaa cctccgtcgc ttgcccctg 60
ggaacaccga ggccctcgac ttggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg120
aaactgaggc tcagagaggg gaagtacctg gcccaaggcc acacagccag aatcttccac180
ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga240
40  ctgctcgctg gcccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccagac cctggagctg300
aaggtcacgg ccagtccaga caaagtgacc aagacataac aaagacctaa cagttgcaga360
tatgagctgt ataattgttg ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa420
aa                                     422

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

15  cggctcgagg  tgccccctggg  aacccccaga  atcagagcct  cccatgcccg  tcggtgaccc  60
    cccagagaag  aggcgggggc  tgtacctcac  agtccccag  tgcctctg  agaaaccagg  120
    gtccccctca  gccaccctg  cccaggggg  tggcgagat  gacccgtgt  agctcgggc  180
    ttggtgccgc  ccacggcttt  ggccctggg  tctggggcc  ccgtgggg  ggaggcccag  240
    gcagaaccct  gcatggaccc  tgacttggt  cccgtcgtga  gcagaaagg  ccggggagga  300
20  tgacggccca  ggccctggt  ctctgccag  cgaagaggag  tagctgccg  gccccacgag  360
    cctccatccg  ttctggttc  ggtttctcc  agttttgcta  ccagccgag  ctgtgcgggc  420
    aactgggtca  gcctcccg  aggagagaag  ccgcgtctgt  gggacgaaga  ccgggcaccc  480
    gccagagagg  ggaaggtacc  aggttgctc  ctttcaggcc  ccgcgttgt  acaggacact  540
    cgctgggggc  cctgtgccct  tgccggcgg  aggttgagc  caccgcggcc  caatgtcacc  600
25  ttcactcaca  gtctgagtt  ttgtccgct  gtcacgccct  caccaccct  ccctccagc  660
    caccaccct  tccgttccg  tcgggcctc  ccagaagcgt  cctgtgact  tgggagagg  720
    gacacctcac  taaggggccc  accccatgga  gtaacgcgc  cggccccgat  gcgaatcagg  780
    cctccctac  atctgggggc  gttggccgc  agattcccat  tgacacctt  gtttctgtg  840
    cttttaaat  caggttaaat  gttgaataa  tctgatgcag  aagactcag  ttctcaagg  900
30  agagggaggg  ggcggacgga  ataaatagta  acttatttaa  gaaatgcact  tggattcctg  960
    ccatcagtc  ggggcgggga  agggagtacc  atccgcagat  ggggtgcag  ggcacttggc  1020
    cagcaggaca  caggagacta  gcagaaggaa  gaggccggg  aggaagaag  cagccaggag  1080
    ggggagcct  gggtagccag  actctgagc  ccctgatgc  gtgatgtgg  ggcggatcca  1140
    gttcacgtag  gcaggacac  gagtgtagac  tccccgcct  gttggggcg  tcgc  1194

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

5 gcctgatgag agccacttgg gttaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtcctt 60
cattggggaa tactttttaga ggccagtttc caaaaattct gcttaaaaaa gaattctggt120
tttgtcttac tcttcagat gagatatac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat180
actgctatac tattcgtttg ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

35 cggcaggcag ccatcttgcc tggagcctga gaaaggagg agagacagaa ggaaccggcg 60
acagtggctc cagggccgct ccggggggcc tcaagaaccg gaggcagccc cggaggctgc 120
cgcgggcgga cacgccagag gaggaggccg gggaatggcc gcggtgtggc agcaagtctt 180
agcagtggac gcgaggtaca acgcgtaccg cacaccaacg ttccacagt ttcggacgca 240
gtatatccgc cggcgaccca gctgctgcgg gagaatgcca aggctgggca cccccagcg 300
ctgctcggc agtacctgag gcttcggggg cagctgctgg gccagcgcta cgggcccctc 360
40 tccgagccag gcagtgtctg tgccatatag aacagcatcg tccgcagtag ccgactact 420
cttgaccgca tggaggactt tgaggatgat cctcgggccc tggggggccc tgggcaccgt 480
cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgcaga tgaaccgtgc cgtctatgag 540
gacaggcccc ctggcagcgt ggtgcccacg tcagcagcag aggcaagtcg ggccatggcc 600
ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc ttgcgggca tgtatcatgt ttttgaccag 660
45 cacgtggatg aggcagtccc aagggtgcgc ttgcgcaatg atgaccgaca ccgcctggcc 720
tgctgtcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgccctgccc acccacagt 780
cttcgctgc tacggggcca caccgtggt gtctccgact tcgctgggtc cctctccaat 840
gacatcctcg tgtccacctc actggatgcc accatgcgca tctgggctc tgaggatggt 900
cgctgcatcc gagagatccc tgaccccgat agcgtgaaac tgctctgctg caccttccag 960
50 cctgtcaaca acaacctcac tgtggtgggg aacgccaagc acaacgtgca tgtcatgaac1020
atctccacag gcaagaaagt gaaggggggc tcagcaagc tgacaggccg tgctcttgct1080
ctgtcccttg atgcccctgg ccggtgctc tgggcgggtg atgaccgtgg cagtgtctt1140
tctttcctct ttgatatggc cacagggaag ctgaccaaag ccaagcgttt ggtggtgcat1200
gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggctctggg tcagccgcga ggcccgggat1260
55 ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacagggt ggtagacaac1320

gaggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgagc agagctcaca tcctgtgcgc1380
 agatcttctg tcccctcatg tccttccgcc agggggcctg cgtggtgacg ggcagtgaag1440
 acatgtgcgt gcacttcttt gatgtggagc gggcgccaa ggctgctgtc aacaagctgc1500
 agggccacag tgcacctgtg cttgatgtca gcttcaactg cgacgagagc ctactggcct1560
 5 ccagtgaagc cagcgccatg gtcacgtctt ggaggcgga gcagaagtag ggtcctgtcg1620
 gccctgctgc tgtcctccat cccacccctc ttactccagc ctcgtgttgt aaataaagtt1680
 tcggtgggtca tgctgagggc cggctcccag ctctgccggg gacggacagg gcagaggga1740
 gcgggcagct ccaggaacac ggtgaaaaaa aaaaaa 1776

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1242 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

35 ccccgacaa ggccgagtag tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct 60
 tgcccgggtg ccttgaatta aagtccttct tcaacgccct tgtatggcga gaagcgaact 120
 ttgagccccc agagacctga cccaacaccc ccgacggcct ccaggagggg cctgggcagc 180
 cccacagtcc cattcctcca ctctgtatct atgcaaagca ctctctgcag tcctccgggg 240
 tgggtgggtg ggcagggagg ggctggggca ggctctctcc tctctctctt tgtgggttg 300
 ccaggaggtt ccccgacca ggttggggag acttggggcc agcgcttctg gtctggtaaa 360
 40 tatgtatgat gtgttggtg ttttaacca aggaggggcc agtggattcc cacagcaca 420
 ccggtccctt ccattgccctg ggatgcctca ccacaccag gtctcttctt ttgctctgag 480
 gtcccttcaa ggcctcccca atccaggcca aagcccatg tgcttgtcc aggaactgcc 540
 tgggcatgag gaggggccag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccacccc 600
 agccctctc cctctctgc tccagactca cttgccattg ccaggagatg gcccacaaca 660
 45 gcaccccgct tttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggccccct gaaccgcacc 720
 ccacccacc agcccgggc ttgctttgtc tggcctcacg tgtctcagat tttctaaga 780
 ccaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaa aaaaaaatca 840
 caaaaaaaa aaaaactataa aaaagaaaga attaaaaact ttcaagagaat tactatttac 900
 tttattaaact tacggattta ttatataaat atatattcac ctacgaacat atctctgccg 960
 50 tctctcctgc tctcataatg aagacatagc cgattctctg cccgggcccc ttgctgatgc1020
 tcctccgggt ctgcgtcggg cgtgggtctc tggggaccct ccaggaggtg aggtgggctg1080
 atggcctggc tgccctgggtg ttgatgggtt tgctccccct acctttttt tttgagttta1140
 ttctgattga ttttttttct tggtttctg ataaaccacc ctctggggac aggataataa1200
 aacatgtaat atttttaaga aggaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1242

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```
aagcgctgac gcatgcgcat agctaaccgc acccggttca gctcgctttt cttggccaga 60
ggcgccggtt ggactcacgg gcggggcatg atggtggtgg gtacgggcac ctgctggcg120
ctctcctccc tcctgtccct gctgctcttt gctgggatgc agatgtacag ccgtcagctg180
gcctccaccg agtggtcac catccagggc ggctgtgtt gttcgggtct cttcgtgttc240
tcgctcactg ccttcaataa tctggagaat cttgtctttg gcaaaggatt ccaagcaaag300
atcttccctg agattctct gtgcctctgt ttggtctctt ttgcatctgg cctcatccac360
cgagtctgtg tcaccacctg cttcatcttc tccatgggtg gtctgtacta catcaacaag420
atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtctca caccagccaa ggtcacaggc480
aagagcaaga agagaaactg accctgaatg ttcaataaag ttgattcttt gtaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa aaa 553
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

5      gaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc ccccaggctc ctctgtgctt 60
      tactaagatg gcctcagttt ccactgtggg cttgagtggc atacactgtt attcatgggt 120
      aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatatat ttagttttta aaatatttgg 180
      gatggaactc cctactgacc tetgagaact ggaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
10     tggggtggga atgagatcta ggttgtggct gctggtatgc ttcagcttgc tggcaatgat 300
      gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
      ggaagaattg cactgagcat tccacttagg aagaggatag agaaggatct gctccgcctt 420
      tggccaagag agcagaggca gacctgggat gccccagttt ctcttcaggg atggatagtg 480
      acctgtcttc attttgcaca ggtaagagag tagttagcta acctatggga attatactgt 540
15     ggggccttgt gagctgcttc taagaggcta acctggaaac taagctcaga ggcaaggtaa 600
      taaagcactt cagggtctgc tccccaaagt ggcctgattt agcagggtgt cctgcgggag 660
      tccaggtcag caccttctct tagggcactg gggctagggt cacagccctt aactcataaa 720
      gcaatcaaag aaccattaga aagggtctcat taagcctttt ggacacagga cccagagagag 780
      gaaaaagtga cttgcccagg gtcgtaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
20     tgacggagcg caacatttct ccactgcact gtgctagcag ctacagcagg cctctaacct 900
      gtgatgtcac actcaagagg ccttggcagc tcctagccat agagcttctt ttccagaacc 960
      cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgcttt1020
      ggggacctag acctcaggtg gtctcttggg gttagtgtat ctggagaaga gaattattact1080
      ggtttctact tttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatatac ctcatctctgal1140
25     cacctgcata tagtgtggga aattgctctg catttgactt aattaaaaaa aaaaaaaaag1200
      acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa
                                         1246

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

      cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttggcaa tttgtgatgt agccgaatat 60
      aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atgggtattac atctttttga tactctgcat 120
      gctctttgca atcttctggt agttgcccc aataatttaa agcaagtctg ctacaggagaa 180
55     caacttgcta atctggacaa gaataactt cactccttcg tacaacttcg tgctgattat 240

```

```

agatctgccc gccttgctcg acacttcagc tgagattgaa tttacaaagg aattcagtg 300
cagttccttt acagaggaat gtcttatact tcagcagccc tcggttgata gaaagcacag 360
gagatacctt atgacacagc caacattttg tgaacaatg actggaacaa aacagcagcc 420
atacttacct ttgagggttt atttaaaagt tggataccac tagctatat ttgctttttt 480
5 cccctcacat tgaattttta ttccattctt gaatgtagaa atttcagatt ctctaaaact 540
acatgtcact gtttttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggcaaagga aatgttacca 600
gtgttttcgg ttcttgactt tttaacatat tccatttaga aattttgcca ttctgttttc 660
cattaataat aggtgaaata caggaaaact acatttggtt ttcttcagtt tttaatgacc 720
ttttcagcat caattgttaa tcagattatt ttaggttttc gtaaataatt tttttgcttc 780
10 tttcaaaagg ttaacaatta agcatacttt ctgcagttgg ttgattggat ttttttctga 840
ggtacagcat taatactagt ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
ttatgtagac attaggagt gatcggaata cttctgcttt ctgggtaaaa cttaaaagt 960
tactatttct tatttggtaa atagatttta agccaattct agtaagaaat taataaaaact 1020
accttatttt gtatttcact taagggtggag gaccttaact aaaggacat atttattcat 1080
15 tattttaata ttataaggga agtaaaaaaa agtgagggtat agtctaaatg gtgcataatag 1140
gaaatactga cagtgtttag caacatgcag ccctttgaga ttctgtctgt aatgctaaac 1200
ttgaataaga tggaaatggc gaacatgtgg ttagtctttt attttaagaa gaattgagaa 1260
ttgatagatt tggagatgag ctttgcaaag gctgtttgct ttcatgtct ataggctgt 1320
cattgtcctt tttcaaagca tttctgaagt tattcctact tggatatagt taatggaatt 1380
20 ggcttaattt gatgacataa taaatcactt ataaaatttt aaatatcaag tgaaaattta 1440
gaaaggccat tactattcta taaaccttat aaacttgctc tgggagaatg cattctaaat 1500
tatatatagt gtttcagctc ccattgtggt gttcatagtc ttctaggaac agataaaact 1560
aagtattcaa ttcactcttg ggcatttgtt cccggaggcc ccccttttta gccgattttt 1620
gggaaaacct gcttttcttc tgaggaaact tattctggaa tgcatccac tttacccaaa 1680
25 ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggt actggtttag g 1721

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1074 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

50

```

cgagcgcttc ctcaccacct gcgacgggca ccgggcctgc agcacctacc gaaccatcta 60
taggaccgcc tacgcccgca gccctgggct ggccccctgc aggcctcgct acgctgtctg 120
ccccggctgg aagaggacca gcgggcttcc tggggcctgt ggagcagcaa tatgccagcc 180
gccatgccgg aacggaggga gctgtgtcca gcctggccgc tgccgctgcc ctgcaggatg 240
55 ccgggggtgac acttgccagt catagtgtga tgaatgcagt gctaggaggg gcggctgtcc 300
ccagcgctgc gtcaacaccg ccggcagtta ctggtgccag tgttgggagg ggcacagcct 360
gtctgcagac ggtacactct gtgtgccc aa gggaggggccc cccagggtgg cccccaaccc 420

```

```

gacaggagtg gacagtgcaa tgaaggaaga agtgcagagg ctgcagtcca ggggtggacct 480
gctggaggag aagctgcagc tgggtgctggc cccactgcac agcctggcct cgcaggcact 540
ggagcatggg ctcccgacc ccggcagcct cctgggtgcac tccttccagc agctcggccg 600
catcgactcc ctgagcgagc agatttcctt cctggaggag cagctggggt cctgctcctg 660
5 caagaaagac tcgtgactgc ccagcgcccc aggctggact gagccccctca cgcgcacctg 720
cagcccccat gccctgccc aacatgctgg gggtcagaa gccacctcg ggtgactgag 780
cggaaggcca ggcaggcct tcctcctctt cctcctcccc ttctcggga ggctccccag 840
accctggcat gggatgggct gggatcttct ctgtgaatcc accctgggt accccaccc 900
tggctacccc aacggcatcc caaggccagg tgggccctca gctgaggaa ggtacgagct 960
10 cctgctgga gcctgggacc catggcacag gccaggcagc ccggaggctg ggtggggcct 1020
cagtggggct gctgcctgac cccagcaca ataaaaatga aacgtgaaa aaaa 1074

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 194 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

gttcagctcg cgtttgttgg ccagaagagc cggttgggct caggggcggg gcatgatggt 60
gggtgggtacg ggcacctcgc tggcgtcttc ctccctcctg tccctgctgc tctttgctgg 120
gatgcgggtg tgcggccgtc cgctggcctc cgccgggtgg ctgcgcgtcc ggggcgggct 180
40 gcttggttcg ggtc
194

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```

cttgggtacg tgagcagggg gttaagttag ggtctgcctg tttttctggt ccccttggga 60
atgtccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta120
gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctagctagtg cctggggccc180
15 agtgacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tctactgt 218

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

gccgagtcgc tgaccgagcg caccocgccc ccggcgccat cttcccagacc gcgagccgctc 60
caggtctcag tgctgtgccc cccccagagc ctagaggatg tttcatggga tcccagccac120
gccgggcata ggagcccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtacaal80
gaacgcccgg gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgtttgcgg tgggaagac240
45 aatgcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tccccagcg agtacactgc300
agcctgctcc cggtccttg tccaatacaa agctgccttc aggcaggtcc agggctcaga360
aatcagctct attgacgaat tctgccgcaa gttccgcctg gactgcccgc tggccatgga420
gcggatcaag gaggaccggc ccatcaccat caaggacgac aagggaacc tcaaccgctg480
catcgagac gtggtctcgc tcttcatcac ggtcatggac aagctgcgcc tggagattcc540
50 gcgccatgga tgagatccag cccgacctgc gagagctgat ggagaccatg caccgcattga600
gccacctccc acccgacttt gagggccgcc agacggtcag ccagtggctg cagaccctga660
gcggcatgtc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gcggcagatg ctgttcgacg720
tggagtcagc tacaaagctt aacgct 746

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2784 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

25  cagagctggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
    gccgcaacat gaactcgagg gtcacgcagc tctacatgca gctcctgcac gagatcatcc 120
    gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
    ccgacatgct gcagctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
    ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcgcgcagtt gaggagcact gccagagggt 300
30  gccctcgggc agggccgtcc cccagccacc ccccgctgcc ccgcccggg tctaccaacc 360
    acccacctac aaccgcatca tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
    cctgaaggtg ctgccacccc ctctgcccac tatgccact ctcaccagcc tcccatcttc 480
    caccgacaag ccgtcgggcc catggagaga ctgcctgcag gccctggagg atggccacga 540
    caccagctcc atctacctgg tgaagccgga gaacaccaac cgcctcatgc aggtgtggtg 600
35  cgaccagaga cagcaccctg ggggctggag cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
    taacttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaagggttt gggaacattg acggcgaata 720
    ctggctgggc ctggagaaca tttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctggt 780
    gaccatggag gactggtccg gccgcaaagt ctttgcagaa tacgccagtt tccgcctgga 840
    acctgagagc gagtattata agctgctggc ggggcgctac catggcaatg cgggtgactc 900
40  ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
    aggaaactgt gccactacc agaagggagg ctggtggtat aacgcctgtg cccactccaa1020
    cctcaacggg gtctggtacc gcgggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtcta1080
    ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
    gaaccccaac accttccact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
45  gagcccaccc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctccctacca gttcactctg1260
    aggctgggag gaccgggatg ctggattctg ttttccgaag tcaactgcagc ggatgatgga1320
    actgaatcga tacggtgttt tctgtccctc ctactttcct tcacaccaga cagcccctca1380
    tgtctccagg acaggacagg actacagaca actctttcct taaataaatt aagtctctac1440
    aataaaaaa caactgcaaa gtaccttcat aatatacatg tgtatgagcc tcccttgtgc1500
50  acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatatata tcacatgtga tatatctaga1560
    tccatatata ggtttgcctt agatacctaa atacacatat attcagttct cagatgttg1620
    agctgtcacc agcagctttg ctcttaggag aaaagcattt cattagtgtt gtattacttg1680
    agtctaaggg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcacc ttggcatctg1740
    tgtgcctgga ttcttccaga atgtctacaa tgctaacttc tcacatagag gttcccagct1800
55  tcttaagaac cccttttggc acctaataaa atttcaaaaat ccctcccccc acattttcat1860
    acttttcccc attctcagga cttttcacca tccatcacc acttatccct tcatttgaca1920
    ccattcatta agtgcttct gtgtgtcagt ccctggccac tcaaggcccc1980

```



```

ctttccgctc tgctgtactc ctgcgctacc tactccttgc cttttctgtc gcacagcccc2040
ttctttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaaac actccgggct ccagggtttct2100
gggtgggaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tatagataat gtactcgag2160
ttttgtatct tccattcata ctttaaccta caggtcattt gagtcttcac acaaataata2220
5 acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcac cagatcatca gagccccag2280
atggctacag accagagatt ccacgctctc aggctgacta gagtccgcat ctcatctcca2340
aactacactt ccctggagaa caagtgccac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
tgaataatca ggggtcaccg gaccccttgg ttgatgcact gcagcatggt ggctttctga2460
gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactcccggg actattgcca agaaggggca2520
10 agggatgagt caagaaggtg agacccttcc cggtgggcac gtgggccagg ctgtgtgaga2580
tggtggatgt ttggtactgt ccatgtctgg gtgtgtgcct attacctcag ctttctcac2640
aaagtgtacc atgtagcatg ttttgtgtat ataaaaggga ggggtttttt aaaaatatat2700
tcccagatta tccttgtaat gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatttggtat2760
gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa
2784

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

40 agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagagggaa aaccagagat agagggaaag 60
ccagagagtg aaggagagcc agggagtga acaagggctg caggaaagcg cccagctgag120
gatgatgtac ccaggaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctcaag180
gagtataaag aggccatata tgatatgaat ttcagcaatg aggacatgat aagagaattt240
gacaatatgg ctaagggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcggtt300
45 ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360
ggtggctgca gggcccacg aaggacattc gaagacattc cttatgtgta gtgtccctgg420
caggcattta ccaggccatg tgctttaacg ttacggtaat actttacttt aggcattccct480
cctgttgcta gcagcctttt gacctatctg caatgcagtg ttctcagtag gaaatgttca540
tctgttacat ggaaaaaatg ttgatgggtg attgtaaaat taaaaaacac aacttgcaga600
50 accaaatata tggcatcagt acatttttgt aaaactacaa agatacttac ctagtaatat660
agtatagaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtggt ttatctctgg720
gtgaattttt cgggttcctt tttggttcac ctgtccagtt ttcccccaaa acagagttcc780
ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag
806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tacctttgac aagatggcgg caggaggcag tggcggttgg gggaagcgca gtcgaaaagc 60
gatgccgatt ctggtttcct ggggctgceg cccacttcgg tggaccagc gctgaggcgg 120
25 cggcggcgag gcccaagaaa taagaagcgg ggctggcggc ggcttgetca ggagccgctg 180
gggctggagg ttgaccagtt cctggaagac gtgcggctac aggagcgcac gagcgggtggc 240
ttgttgtcag aggccccaaa tgaaaaactc ttcttcgtgg acaactggctc caaggaaaaa 300
gggctgacaa agaagagaac caaagtccag aagaagtcac tgcttctcaa gaaaccctt 360
cggtttgacc tcatcctcga gaacacatcc aaagtccctg cccccaaaga cgtcctcgcc 420
30 caccaggtcc ccaacgcca gaagctcagg cggaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
aagcagggcg agctgccccg ggaggtgcgc agggcccagg cccggctcct caacccttct 540
gcaacaaggg ccaagcccgg gccccaggac accgtagagc ggcccttcta cgacctctgg 600
gcctcagaca accccctgga caggccgttg gttggccagg atgagttttt cctggagcag 660
accaagaaga aaggagtga gcgccagca gcctgcaca ccaagccgtc ccaggcgccc 720
35 gccgtggagg tggcgctgc cggagcttcc tacaatccat cctttgaaga ccaccagacc 780
ctgctctcag cggccacga ggtggagttg cagcggcaga aggaggcgga gaagctggag 840
cggcagtggc cctgcccgcc acggagcagg ccgccacca ggagtccaca ttccaggagc 900
tgtgcgaggg gctgctggag gattcggtat gtgaggggga gccaggccag ggcgaggggc 960
cggaggtggg gatgccgagg tctgtcccac gccgcgccgc ctggccacca cagagaagaa1020
40 gacggagcag cagcggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080
gttgcgggcc gcccggtcc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcggga tcaaggcccc1140
ggtggccctg aggttgccgg gactggcgcg gcggcgagg cggcggcagg cgcggcgga1200
ggctgaggct gacaagcccc gaaggctggg acggctcaag taccaggcac ctgacatcga1260
cgtgcagctg agctcgagc tgacagactc gctcaggacc ctgaagcccc agggcaacat1320
45 ccttcgagac cgtttcaaga gcttcagag gaggaatat atcgagcctc gagagagagc1380
caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
gtttagctg ccatcagat cgggagactc gcccttcaat aaaaaatctc ttctagctga1500
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata
1534

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 807 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

20 tttgagggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
   atctgcaact gttaggtctt tgttatgtct tggtcacttt gtctggactg gccgtgacct120
   tcagctccag ggtctgggct aggaagacgt tccagtgacc ttctgtgggg ccagcgagca180
   gtcggaagtg ctgtgcctct ttctggaagt cttgttccct gactttcttg atctgagtca240
   agtgggaagt tcctttttacc agcttccaga ggtggatctc caccaagtcc gaggcctcgt300
   gttccagggc aaagcgacgc aggttgtctg ggcctttggg gataccgatg tgtggacgag360
   gacccggccc ggtgccttgg gacacctggt agaactgatc tcaactgtggc caggggtctgc420
25 tttgtcctct gggcaaatct tgcagcactt cccagccact ttctcggggt gacggcaggg480
   gtactcgggt ggacaggtca cacgctggca gtcctggcgg ccatacctcac aggtgcatag540
   gatgcagggc aaggggcccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacotccc cgtgggagta600
   cgtcttcccg ccatgcacac aggccttctt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660
   tgtgtgcctt gctcccttgg gtctgaagtg gcgaggata aagctcagag gggcgctgag720
30 gccagtgggg gctggggctg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacaggga780
   tgctgagggg gtctaagccg gtgggag                                     807
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

5  ctcccacaac aatttcattg ttgttagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
   atccttaggt atttctaaaa cataaagagg agaattaagt cagctgcaga acaatggggc 120
   tgattcttct gctttttctc tggaaaatct ttcattgctt ttggtggaaa tttacctaga 180
   ggttacaacc acaggatgta gcttggctctc ttattgacct ttttgggaaa ccaatttaaga 240
   ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatct attcattata taacacagtt gtttgattta 300
   cttgttccct gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattcttt tctaatagaa 360
10  caaccaaaaa aggcttctta tgggtgcagca ggaaaaaaga tcattttttat agctttgcat 420
   tcttaacata gcattttaaag agcggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
   gtcggtttga gatcatcggc ttaaaagtat cctaggatgg taatgaccca gaagtatttc 540
   cagttgtcta gtggtgtggt atgcaggaat gagaagtgtt ttctttccat ttctgttgg 600
   acaggtggca atcttagcag agccactatt tggagttgat aactaaagat gcaaataaca 660
15  tgactatgcc ttctggctcat cctaggacta tttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
   atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcactggcag cataggctc 780
   atcttgagcc atacagtccc actttataga agagggtgga agttctccaa aacaatatcc 840
   acaacaaagt ctgacctcac tctgagggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
   gctccctgga gtaagaggaa tttgctttcc ctgtctgccc accaggggct atatgtgcca 960
20  cctttcaggt tggggccaag gaagtgatgt cagtggtgaca gaagggagag ttagacctcc1020
   agacgtcagc ctccctcca tggggtacat tttcaatctg agtggtgttg ccttagctgt1080
   gttggtatta gcttgattgg ttggtccgct ggttaggagg tgtaggaggag cagtttttgt1140
   ttagttttta ggactttgcc tcttcccttg tcttagcat aatttctagg cagagcatcc1200
   acgaagtccg ttttcattgc cagctcaaga gcgacaatca tttacagagt cctatgttat1260
25  gttaggtgcc ttatgtatat tatcccaaat ccactgcatg gtttaaatac aggcactgga1320
   atataaatga aaaaggctcat tacagtcact gactttctgc aggaccttaa acatttctct1380
   ttccacaagt ttccctctaa tcatgtgtca aacctctctt cctgacggga atgttgtgct1440
   ataatgaatc tgcataacgc ttgggattct aggaggaagg aaggttccat ggacatgtaa1500
   gtaacagcata ttccctcag tcttctagga gggcagagtg aatcccagaa ctggttaagat1560
30  tgggaatctg agcattgcca ctttaattct catttgtagt gtaaagcata ccttgtagg1680
   ttttagagag gaaaacaaac acagtttctg cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
   aacgtgtttt gtaagacaca tttgggttgt cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
   aaaatatatt tagtatgatt gttagtggta acatatatca aggtcttgaa ttaactgttt1800
   tattttaattt tcacaagaag cacttatttt agccatagga aaaccaatct gagctacaaa1860
35  tagttcttta aaataagccc aggttatttt gctattctag aaagtgccga cttctttcaa1920
   gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc cttaaattcta gcctggcagc1980
   aagagtcaca tctgagatgt agaccatttt cctatttgca gttacaaggt taaagaactt2100
   ggggtagact aacgtatgtg agaggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa2160
   tgaaggtcat tcggctgcta agaggtcatg ttagtgtctg cgtttagatt taatttctca2220
40  accctcctaa gagcagaaga cacatggctg ttagtgtctg cgttttagatt taatttctca2220
   aataaaggcc cttggctgct tatcatttca tccagttata aactagggtc cctgcaagca2280
   cccccattct aagggtgaat tattgaaatc agttgtctatt tgatgagtca caactggccc2340
   agcaggcagg gcatttgaag tcatggtcat caaaaagaaa tgattgtttt ttgaaaagct2400
   aaatgcttaa aatgcttcta gaggggaagtc gtggggcgtg tgctcattct ctttaaaatc2460
45  agggttgttg agtttgtttt taaacatttt tataagttca tgagaaaaaa tatataaatt2520
   ctaagaacca acactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tggctctggg tccacatatc2580
   attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgccga gttagtcaac2640
   aattattctg ggaaaaagca gaattgaatt cttctctaga tgtcctacca gggttggcca2700
   agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
50  aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
   tcatcctatg agcgtcatgc caatgaaacc ccatcttctg gagaagccct tgaatcagaa2880
   ttatcttttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagtttct taattttttt aaaaactgta2940
   tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaat tcacagcact3000
   actcagaggc aattgaataa agagaaattt aatttttaaat atcaagtcct gtcaaacatt3060
55  tctcaaactt ctgattttat caaagggttg ccagccaata aagtgcattc caagtataca3120
   ggggagaaaag ctagactcct acagggtcct agagtttaag taattttttt gttattaata3180
   taggtaataa tttttctaat ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
   cctctgttta tgtcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgctctg tgacagggtga3300
   aatgtaaatc tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctacttccca gcctaccttt3360
60  cttcctctac ctgataatga taatactca

```

3389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1919 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```
25  caccgcctcc cccggagacc gattgcgga cccaccttcc tccactgtt caagtaccag 60
    gggggccctgg tcccgcgaa ggaagaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggg 120
    gatccgcccc gccactgccg ccgactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
    ttaaatatga atacatggaa gaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg ctagaagatg 240
    gttttggaga gcaccccttt taccactgcc tggttgcaga agtgccgaaa gagcactgga 300
30  ctccggaagg taacccctcg cccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaagaa 360
    gtagtgctcg ctgtgtagaa ccaactgacta cacaggccga agttactgag aacttgga 420
    gaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaactac tgaggaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
    cttaagaata ctagggcagg ttaaaagagc tgtttaagta agtatcagag tgctgtggag 540
    actcgggaagt gtttaagctg cttaagtaag tataagtgtc gtggagaccc ggaagagtta 600
35  gatataatgt catttgttgt aattcagttt cataaaatgg ttcttgtttg accctaactg 660
    aacagttttt gtaattgtgt taaatcacat ttttttctt aatttgctcc aatcttcagg 720
    ttacagtctc tagcttcgcc atgtacatgg ccttccgtg tacatggatg ggcggggagg 780
    taactaaaag atcctttaca caataaagta gatgatcatg ataaatgagg taaggctcta 840
    ttatcacaca cttcaaacac ggtagatcag aaaccacta tgatactcgc ttctgtctg 900
40  tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag ttttaattga aacctttgcc tccatttgga 960
    atagtagaca ccagttaaga ggggtgtcaga tgcctttttt tggctggtcc ctgttgattg 1020
    gtcagaagac agctcagcta aaaggggaag ttgtctgggt ggttgctttt tttctgacgt 1080
    ctgttcctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgagtacttt ttagagtatg 1140
    tgcatgttac gtaataacctg tttctgggca atgctgcttc ttctgactca acaaatggg 1200
45  agagcaaatt gaaaatgcgt aaattggaag gcaagttctg aaattaaacg ttgtactttg 1260
    gcctgatgtt ctgaccttta aggaagcaag agtttgtaaa cttccaaata tttactattc 1320
    tgaactgccg tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg 1380
    tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagtttt gctctggcaa gtaatgaaag 1440
    cgttctcgct tcctgagtgt gagctccagc agactgcaga gtggccagtc cacagttgt 1500
50  gcctgacttc agtgagttct gatgtgtgct ttttgcaaat acatgttctc agaacagtga 1560
    gatcatccag cagtgcctg gactgcactc acataaaaat catgagacag ccatggctac 1620
    ttgtttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaccta tgataggcct ctgattctgc 1680
    agctgcaact tttatggaat gttttccttc tccacatctc atgtgatgct cttattacag 1740
    gacacagcat tgttggtttt gccatgtact attttaccta tgaccctggg attggcaagt 1800
55  tattgtatct tgaggacttc ttcgtgatga gtgatataga gcttgcaaaa gatcagaaat 1860
    ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctgggagg 1919
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
cccacgcgtc cgcccacgcg tccgaaaacc atcaaggat ggaataccct ggggtgtgtgc 60
aaatacactg tccaggatga gagccactca gagggtgtgt cttgtgtccg cttctcgccc120
aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctgggtcaa ggtatggaac180
ctggctaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacggtg240
actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtggtt tggggggagg 280
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 451Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

5   tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtgcccc aacaatgtcc tctggtcctt gttaaaccacc 60
    ctcttcaatg aacccccctgc tgcctgggct ttcaataaga attcgcttac tccgtggaag120
    tctagggaca ggaagatggg tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgcc180
    aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcatcctca tgaccattct gctcatcgtc240
    atcccagtgc tgatcttcca ggcctatgga tagatcagga ggcatcactg aggccaggag300
    ctctgcccac gacctgtatc ccacgtactc caacttccat tcctcgccct gccccggag360
10  ccgagtcttg tatcagccct ttatcctcac acggttttct acaatggcat tcaataaagt420
    gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a
                                           451

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

    ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gttaaagatat agtctgtgga tggatcatct 60
    gatgatgatg gataaatttg atttttgctt tgggtgggct cctcttgggg atggattatg 120
    gaattttaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggg aaaaaaaaaa 180
40  aaaattttta gtgacagtgc catagtttgg acagtacctt tcaatgatta attttaatag 240
    cctgtgagtc caagtaaagt atcactttat ttgctaggga gggaaagtcct aggggtgggtt 300
    cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatcct tttaaagaaa atctgtattt 360
    caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc aggggaattt gcactattac acttgaaagt 420
    tgttattggt aaccttttcg gcagctttta ataggaaagt taaacgtttt aaacatggta 480
45  gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaaat atgtataaat gtacataaag 540
    acaaactagt aagcatgacc tggggaaatg gtcagacctt gtattgtgtt tttggccttg 600
    aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac ccttaaaaaa 660
    acactgtctc aactgtgggt ttagcaccag ccagctctct gtacatttgc tagcttgtag 720
    ttttctaaga ctgagtaaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctgggt tgtaactttc 780
50  cttgtactta attgggtaaa agtcttttcc acaaaccacc atctattttg tgaactttgt 840
    tagtcatctt ttatttggtg aattatgaac tgggtgtaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
    gattgtggca aagttgtaca gatttctata ttttgatga gaaatttttc ttctctctat 960
    aataaatcgt ttcttatctt ggcattttta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
                                           1011

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
gtcttggtc tgtaaccag gctgggttc agtgagccg gattgtgca ctgactccag 60
cctgggtgac agggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaaata aaaaaagaac120
ctggatctca atttaatttt tcatattctt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180
catagctaga aatacagata attccacagc acatctctag caaatttagc tattgctatt240
gttaggctat tgcttacagc tgtatttgac catatacttg gagttgaata ttgttttcat300
ac                                     302
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttgtttttc tttcctttta atagttaaga 60
gattttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
5 gtatacaaaa cagttgatta ctaatcgtgt attgaaagca gtaagagggt ccacgacacc 180
aaatagacca gttctgaggt ttccccaaga taaatttaac agctccagct tcagtgttta 240
tcaaaatata aaagaaaaaa gtagaggttg tctttttcga tggcaaatcg gacccttgca 300
ggctgagggg gagaaagcta catcacacac agaggtgggg tgctcccag gggctgtggg 360
tctaggtgga ccgcctgccc ggcttgacag cgctcctgct ggtgaggccc cagacatcct 420
10 gccaaagtgt ctgagcgagc acgagtgttg gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
gaccgagggg cagatggggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaagggtgg tagggcgct 540
gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600
ggacaagcac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgagtt gcggggatct 660
ctactgtgac catgcagaat tgatcgagct ctctgcgcca ccaccacctc atgttcccg 720
15 ggggaacagc tgggctggcg actggcatcc aggcgtaac tgcaaacta tgctaggcgg 780
ggctctccct ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt cttactatt ttaaaaaatg 840
cactgagttt gggttaaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaagccaa 900
gggcgtggcc ggctctccca acacagcgac tcctggaggc caggtgcccc tgggcctaca 960
tccctctca gcaactgaaca gtgagttgat tttctttttt acaataaaaa aagctgagta 1020
20 atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaaca aaaactattt acattaaata 1080
aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgccac atttacagca cggtgcgatg cacacggtag 1140
ccaaaccacg gaggcagctt ctggcactca caccacgagc cgcacgtttg ccacatgaga 1200
gtaaagcaga gggcaagagg agtgagaggg aggggggtcg cggtcacttc tgggtccgga 1260
gctgattgga cagccagctc agtccttcat agagcccgtc gccgctgggt gcgcaggtgg 1320
25 cctgaatgta ccagttcctg tggcgtagtg agtgcagccc cagcttgtct gtgatctcgg 1380
ccgcattcat ggcgttgggg aggtcctgct tgttggcgaa caccaggagg acagcatccc 1440
ggagctcgtc ctgcggccagc atcctcatga gctcctcacg ggctcgttc acacgtctc 1500
tgtcattgct gtccaccacg aagatcaggc cttgtgtgtt ctggaagtag tggcgccaca 1560
ggggccggat cttgtcctgg ccaccacagt cccacacagt gaagctgatg ttctgtact 1620
30 ccacggtttc cacgttgaag cctatggtgg gaatggtggt cagcatctca ccagcttaa 1680
gctttagtag gatcggtggtc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgattt 1740
cttttttgcc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttcccatg cttgtggaca 1800
ggtggaagga cactggccag ggacacctca gaggctgctg ctccgagcca ggcgttgg 1860
35 ttgctccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgcctccg gcgcggggca 1920
cgccgggtaa g 1931

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1464 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```

5  ggggcgcatg gacccccact cgcctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag 60
   ccctcgcgcc ccccgccgtt ggctgcggga gagcccgcg tccactcccg tgctcgctc 120
   gaccccgcg cgggcacctg tggcttgga cagatagaag ggatggttg ggatacttcc 180
   caaaactttt tccaagtcaa cttggtgtag ccggttcccc ggccacgact ctgggcactt 240
   ccctgaagc tctctccgg agcttgactt cttggacctc ctccccgcc ccaattccaa 300
   gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaaagcta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
10  cgggaggaag caagcatgtg ggggacagaa cagtagtcct ggactcgaaa gggaagggtg 420
   tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattatat ttgcaaagg 480
   gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gcaaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
   agattgtggc cagtgaggat attataatcc tatgtaaaca gaaaagtccc acttaccgat 600
   tcattctttc actgtttgta tctgcgcccc gaattctcag tgacgtgggg gtgagggtgg 660
15  gtggcgattg ccttagaggg aaccctaaa ttgggtttgg ataagtttga gcccttgacc 720
   ttaatttcac tgctaccact ctgatctctt agcacatttc ttaggattaa ggggtccaaa 780
   atgctgatct aaggggtgac catggtgttg aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
   tgactgcca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgttt tttgtcatt tttgttcttt 900
   acatcaagaa attttatgtt taaatatgag gagaatgtat attgcctctg ctccatcag 960
20  gggtgtctaa ccctggtaca tcgtatataa aatgtattaa aactgggggt ttgtaccagt 1020
   tgctgtactt tgtatataga atttttataa attgtatgct tcagaaataa tttattttta 1080
   aaaagaaatt aaaagtttta aactcacatc catattacac cttcccccc tgaaatgtat 1140
   agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtccat tgtgaagtgt gctatattta 1200
   gaacagtctt aaaatgtaca gtgtatttta tagaattgaa gttaacattc ttattttcaa 1260
25  gagaatttat ggacgttgta gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt 1320
   atttttatag acatgttttt taaaaatcct aagtttttaa ataactatgg atttgtgtat 1380
   tttttttggt tatttgtttt attaaaacat gtacatcagt aaagagtttt aaacaatgaa 1440
   aaaaaaaaaa aaaatttcca aaaa
                                     1464

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2103 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

55  ggggccccgg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
   ccacctgtct ccgccctcgc gccctcgcc cggctttgcc taaccgccac gatgatgttc 120
   tcgggcttca acgcagacta cgaggcgta tctcccgcgt gcagcagcgc gtccccggcc 180

```

```

gggaatagcc tctcttacta ccactcaccg gcagactcct tctccagcat gggctcgcct 240
gtcaacgcgc aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattcccacg 300
gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagcccg cctcgtctcc 360
tctgtggccc catcgagac cagagccctt caccctttcg gagtccccgc cccctccgct 420
5 ggggcttact ccagggtgg cgttgtgaag accatgacag gaggccgagc gcagagcatt 480
ggcaggagg gcaagggtga acagttatct ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
agggaaagga ataagatggc tgcagccaaa tgccgcaacc ggaggaggga gctgactgat 600
acactccaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctttgca gaccgagatt 660
gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gaattcatcc tggcagctca ccgacctgcc 720
10 tgcaagatcc ctgatgacct gggcttccca gaagagatgt ctgtggcttc ccttgatctg 780
actggggggc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggccttcac cctgcctctc 840
ctcaatgacc ctgagcccaa gccctcagtg gaacctgtca agagcatcag cagcatggag 900
ctgaagaccg agccctttga tgacttcctg ttcccagcat catccaggcc cagtggctct 960
gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatctgggt ccttctatgc agcagactgg 1020
15 gagcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagccccctg 1080
tgcaactccg tggtcacctg tactcccagc tgcactgctt acacgtcttc cttcgtcttc 1140
acctaccgag aggtgactc cttccccagc tgtgcagctg cccaccgcaa gggcagcagc 1200
agcaatgagc cttcctctga ctgcctcagc tcaccacgc tgctggccct gtgagggggc 1260
agggaagggg aggcagccgg caccacaag tgccactgcc cgagctgggt cattacagag 1320
20 aggagaaaca catcttccct agagggttcc tgtagaccta gggaggacct tatctgtgcg 1380
tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagtc 1440
cttacctctt ccggagatgt agcaaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgacactt 1500
cagagagctg gtagttagta gcatgttgag ccaggcctgg gtctgtgtct cttttctctt 1560
tctccttagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tcattattgg aattaacctg 1620
25 gtgctggata ttttcaaatt gtatctagtg cagctgattt taacaataac tactgtgttc 1680
ctggcaatag tgtgttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgactt 1740
tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagtttt tcttcaacat 1800
caatgttcat tgtaatgtta ctgatcatgc attgttgagg tggctctgaat gttctgacat 1860
taacagtttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttaatt tatttattaa gatggattct 1920
30 cagatattta tatttttatt ttattttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaaag 1980
tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa 2040
agcatttaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaaga gggggaagca tggggggggtc 2100
acc

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 975 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

caccgggag cccaggata ggtaccacta cctgcgcgtc aaggtgcccc accggggggc 60
tgactttctt cgttcccaag tccccgcac gtccgcagct tgatgcactt ctctccgtac120
gagccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttcctt gagatgatac acgaggctca180
5 gcaggccatg gacatccact tccacagccc ggcttccag caccgcca cagaattcat240
acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg ccgggagatc cgccacaact ccacgggctg300
cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagtg ccgggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
caacaacccc tcccaggcta agctgcggcg ggagctcgac gaatccctcc aggtcgtctga420
gaggttgacc aggaataca acgagctgct aaagtcctac cagtgaaga tgctcaacac480
10 ctctctcttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccgaa tggcaaacct540
cacgcaaggc gaagaccagt actatctgcg ggtcaccacg gtggcttccc acacttctaa600
ctcggacgtt ccttccggtg tctactgaggt ggtcgtaaa ctctttaact ctaatccccat660
cactgtaacg gtccctgtag aagtctccag gaagaaccct aaattgatgg agaccgtggc720
ggagaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcaccgggag gagtgaatg tggatgttgc780
15 ttttgacact acggggggcat ctaagtccag ctccccccaa gatgagctgc agccccccag840
agagagctct gcacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggccccc aactccgccc900
agcctctccc cgctctggat cctgcactct aacactcgac tctgctgctc atgggaattg960
ctctgcacg caact
975

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3061 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

acggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
45 acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
ctctctctgtc gccgcccctt cctggcttca ccgtttcatc attggcaaga aagggcagaa 180
cctggccaaa atcactcagc agatgcaaaa ggttcacatc gagttcacag agggcgaa 240
caagatcacc ctggaggggc ctacagagga tgtcaatgtg gccagggaac agatagaagg 300
catggtcaaa gatttgatta accggatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagt 360
50 ccacaggcac ctcattggga agagcgggtg caacataaac agaataaa accagtacaa 420
gggtgtccgtg cgcacccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
cccacagggc gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatctc gcatggaaaa 540
tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttgggcagaa 600
gggtgaacgg atccgtgaaa ttcgtgacaa attcccagag gtcattcatta actttccaga 660
55 cccagcacia aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
cacaaaatac atgcagaaga tgggtggcaga tctggtggaa aatagctatt caatttctgt 780

```

```

tccgatcttc aaacagtttc acaagaatat cattgggaaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840
gatttcgtgaa gaaagcaaca ccaaaatcga ccttccagca gagaatagca attcagagac 900
cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgtccc ggagcaggat tctgtctatt 960
cagaaagacc tggccaacat agccgaggtg gaggtctcca tccctgcca gctgcacaac1020
5 tccctcattg gcaccaaggg ccgtctgatc cgctccatca tggaggagtg cggcgggggtc1080
cacattcact ttcccgtgga aggttcagga agcgacaccg ttgttatcag gggcccttcc1140
tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagctc ctgcatctgg cggaggagaa gcaaaccaag1200
agtttcactg ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattcctcat cggcaagggg1260
ggcggcaaaa ttcgcaagg ggcgcagacg actggagcac gtgtcatctt ccctgcggt1320
10 gaggacaagg accaggacct gatcaccatc attggaaagg aggacgccgt ccgagaggca1380
cagaaggagc tggaggcctt gatccaaaac ctggataatg tgggtggaaga ctccatgctg1440
gtggaccca agcaccaccg ccacttcgtc atccgcagag gccaggctt gcgggagatt1500
gctgaagagt atggcggggg gatggtcagc ttcccacgct ctggcacaca gagcgacaaa1560
gtcaccctca agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcat tcaggagatc1620
15 attgaggacc tggaaagctca ggtgacatta gaatgtgcta taccacagaa attccatcga1680
tctgtcatgg gcccacaaagg ttccagaatc cagcagatta ctcgggattt cagtgttcaal1740
attaaattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag1800
aatggggacg aagctgggga ggggagagag gtctaaagatt gtgaccccg ctctccaagg1860
aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaagt gtgaggctgc caaggagct1920
20 ctggaggcat tggttcctgt caccattgaa gttagaggtg cctttgacct tcaccgttac1980
gttattgggc agaaaggaag tgggatccgc aagatgatgg atgagtttga ggtgaacata2040
catgtcccgg cactgagct gcagtctgac atcatcgcca tcacgggctt cgctgcaaat2100
ttggaccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160
gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcaactgtg accccaaata ccatcccaag2220
25 attatcgggg gaaagggggc agtaattacc caaatccggt tggagcatga cgtgaacatc2280
cagtttcctg ataaggacga tgggaaccag ccccgagacc aaattaccat cacagggtac2340
gaaaagaaca cagaagctgc cagggatgct atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400
atggtttctg aggacgtccc gctggaccac cgcgttcacg cccgcatcat tgggtcccgc2460
ggcaaagcca ttcgcaaaat catggacgaa ttcaagggtg acattcgctt cccacagagc2520
30 ggagccccag accccaactg cgtcactgtg acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580
atcgaccaca tcttcaatct ggaggaggaa tacctagctg acgtggtgga cagtgaggcg2640
ctgcaggtat acatgaaacc cccagcacac agcagtgaga aggtcctga catgagcagc2700
gtggtgcggg acgcacctg gaccgcagc agcagtgaga aggtcctga catgagcagc2760
tctgaggaat ttccagctt tggggctcag gtggtccca agaccctcc ttggggcccc2820
35 aaacgataat gatcaaaaag aacagaaccc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac2880
acaatggttt gtctcaatct gaccagcgg ctggaccctc cgtaaattgt tgacgtctt2940
cccccttccc gaggtccgca gggagcctag cgcctggctg tgtgtgcggc cgctcgagca3000
tgcactctaga gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaattcac tggccgtcga3060
t 3061

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50

ccggggcccc agtgaggagc tgctgcggca gtgggagcag cggttgcagg agtcctgctc 60
cgtgtgcctg gccgggctag atggcttccg ccggcagcag caggaggaca gggagcggct 120
gcgagcgatg gagaagctgc tggccccgct ggaggagcgg caacggcacc tcgcagggct 180
ggcgggtgggc cgcagcgctt gcaggaatgc tgctctccag agctgggccg gcgactggca 240
gagctggagc gcaggctgga tgtcgtggcc ggctcagtga cagtgtctgag tgggcggcga 300
ggcacagagc tgggaggagc cgcggggcag ggaggccacc cccagggcta caccagcttg 360
gcctccccgcc tgtctcgctt ggaggaccgc ttcaactcca ccctgggcc ttcggaggag 420
caggaggaga gctggcctgg ggctcctggg gggctgagcc actggctgcc tgcgtcccgg 480
ggccgactag agcagttggg ggggctgctg gccaatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
ttggatctgt tggaggagca ggtggcaggg gccatgcagg catgcgggca gctctgctct 600
ggggcccctg gggagcagga ctctcaagtc agcagatcc tcagtgcctt ggagcgcagg 660
gtgctggaga gtgaggggca gctgcggctg gtgggctccg gcctgcacac ggtggaagca 720
gcggggggagg cccggtcagg cagctggag ggattacaag aggttgtggg ccggctccag 780
gatcgtgtgg atgccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaactcact 840
gcggcccggc taggccaact ggaggggctg ctgcaggccc atggggatga gggctgtggg 900
gcctgtggcg gagtccaaga ggaactaggc cgccttcggg atggtgtgga gcgctgctcc 960
tgccccctgt tgccctcctc gggctcctgg gctggtccag gtgttggggg cccaagccgt1020
gggcccctgg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctcag gctcagccct gcaggccctg1080
caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcagctccc tcaatgactc actgaatgag1140
ctccagacca ctgtggagg ccaggcgct gatctggctg acctgggggc aaccaaggac1200
cgtatcattt ctgagattaa caggctgcag cagaggcca cagagcatgc tacagagagt1260
gaagagcgct tccgaggcct agaggaggga caagcacagg ccggccagtg cccagctta1320
gagggggcgat tgggcccgtt tgagggtgtc tgtgaacggg tggacactgt ggctggggga1380
ctgcaggggc tgcgcgaggg cctttccaga cacgtggctg ggctctgggc tgggctccgg1440
gaaaccaaca ccaccagcca gatgcaggca gccctgctgg agaagctggg cgggggacag1500
gcgggcctgg gcaggcggct ggggtgccctt aacagctccc tgcagctcct ggaggaccgt1560
ctgcaccagc tcagcctgaa ggacctcact gggcctgcag gagaggctgg gccccagg1620
cctcctgggc tgcagggacc cccaggccct gctggacctc caggatcacc aggcaaggac1680
gggcaagagg gcccacatcg gccaccaggt cctcaagggt aacaggaggt ggagggggca1740
ccagcagccc ctgtgcccc aagtggcattt tcagctgctc tgagtttgcc ccggtctgaal800
ccaggcacgg tccccctoga cagagtcctg ctcaatgatg gaggctatta tgatccagag1860
acaggcgtgt tcacagcgcc actggctgga cgctacttgc tgagcgcggg gctgactggg1920
caccggcacg agaaagtgga ggccgtgctg tcccgtccca accagggcgt ggcccgcgtal980
gactccggtg gctacagacc tgagggcctg gagaataagc cgggtggcca gagccagccc2040
agcccgggca ccttggcggt cttcagcctc atcctgccgc tgcaggccgg ggacacggtc2100
tgctgcagcc tgggtcatggg gcagctggcg cactcggagg agccgctcac catcttcagc2160
ggggccctgc tctatgggga cccagagctt gaacacgcgt agactggggg cccgcccagc2220
gtgtctacgt cggctgaaga gacagcgggg gcggcgggct cctgggggtct cgcctgagac2280
ggggcaccta gccctgggcg agcgcgcgac ccgggcccgc agcggcaccg cgcccagagc2340
ggcctctccc cagccccggg gcgcgcgggc tcagggaggc tcggggccgc ccatgcagac2400
ttttggcctg gcgcgatccc ccaagaaccc ctccagggcc ggccctgcgga ggagccgatc2460
ctcgcaccct ccgctccctc cactggccct ccaggtcgat tccttgggct ccaggctccc2520
ccgcgcgggc gcgcccacc gccatactaa acgatcgagg aataaagaca cttggttttt2580
ctaaaaaaaa ct 2592

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

5      tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
      ggtcacaggt caagtcattc actagtcctc actaggaggg gtggcagggg cagggtggg120
      ggtgggtggg cgagtcacca aggtgggggg cccaggaggg gcaagctcct ttacccatct180
20     ttgaaggctg ttggggcctg ggaatgtgga ccagccccgc ctggggccca gagcagggca240
      cgaagcccca caaaggtcct gccgccacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
      gaggggctgg tggacggcac tgcaggggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgcgc360
      ccatccagct agagctcgtc atggtcgtct tcggtgggtg cttcaggcgg tggctccggg420
      caggcggctg gcgtcatcag ctccatgagg tactcgagc gactgggctc tgtggtgctg480
25     gtcaccatgg tctctttccc gcacaggagg cgcacgggtg tggagcgggt ggggccctgc540
      cagcagcccc tgccttgctc atacttcagt gactgaact tgtcgtgggt ggggccaatc600
      catgagcccc aggtgcccaag gctggtggga gagccccga gtttgggttt ctgcgagaca660
      agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttgggtg tgagctcgta gcactggctg720
      tacaggtgaa caaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctcttg ctccagggtt780
30     ctgatggact cctccatgtc cttcagcgac cgctcggcct cctcgaactt gttgcggggc840
      tcctgggcag ctgggagaag ggttggaggt cagctcgagc cggg 884
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcggcg tggacctcga ccagctgctg120
5 gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180
ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgccg gcgcaaggcc aagaaggagg240
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtg agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
ccgagatggg gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttgaac cagggtggaga360
tcaagcccga gatgatcggg cactaactgg gcgagttctc catcaactac aagcccgtaa420
10 agcatggccg ggccggcatt gggggccacc acttctgccg gttgatccct gtgaagtaaat480
gggttagtaa ttt
493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gttccgcaat tgttcggggc aaaagtctgg gaaccaccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccca tccctgtccc120
40 actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctcccag180
ctgctgaaag gccacgggag gtgaggctct tcacatccca ttgggactcc atgctccttg240
agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctcgagaggg ctggtcctta tttatttaac300
ttcaccggag ttctcttggg tttctaagca gttatgggtg tgacttagcg tcaagacatt360
tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtgggta catcaagtcc atctgacaaa420
atggggcgaga agagaaagga ctacgtgtgt gatccgggtt ctttttgctc gcccctgttt480
45 tttgtagaat ctcttcacgc ttgacatacc taccagtatt attcccgcgc acacatatac540
atatgagaat ataccttatt tattttttgt taggtgtctg ccttcacaaa tgtcattgtc600
tactcctaga agaaccaaat acctcaattt ttgtttttga gtactgtact atcctgtaaa660
tatactctaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggtttttttt720
tagttgccaa cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc tgaaataata tatttcttct780
50 tctaagaaga cattttgtta cataaggatg acttttttat acaatggaat aaattatggc840
atctctattg aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa gaggggggga gagaggagag900
gggggggggc ggt
913

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1917 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

agcttgagca gcagctgagc gccaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gcccctggag gtgctgttgc 180
tggaagaaga ccgctcgtcg cagtccgaga acgccgcgct gcgcatctcc aacagcgacc 240
tgagcggacg ctgtgcggag ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
agcagagaga cctgatcgcc cgctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
ggcccgatgc cgaggggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
aggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cgggtgccctc ccagagggcc 480
aggtggattc actgctttcc atcatctcca gccagaggga gcgcttccgt gcccggaacc 540
aggagcttga ggccgagaac cgctggcccc agcacaccct ccaggccctg cagagtggagc 600
tggaacagcct gcgcgccgac aacatcaagc tctttgagaa gatcaagttc ctgcagagct 660
accctggccg gggcagcggc agtgatgaca cggagctgcg gtactcgtcc cagtacgagg 720
agcgcctgga ccccttctcc tccttcagca agcgggagcg gcagaggaag tacttagct 780
tgagtccctg ggacaaggcc accctcagca tggggcgctc ggttctctcc aacaagatgg 840
cgcgccaccat cggttcttc tacacactgt tcctgcactg cctggtcttc ctggtgctct 900
acaagctggc atggagcgag agcatggaga gggactgtgc cacttctgc gccagaagt 960
tcgctgacca cctgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgcggct ggtgacttgt 1020
ggcagtgata ccccggggcc tcccccgta cagtgcggc tgcgcctcca ccccgactgc 1080
tcagtgcac taatcactta gactcccctg aagaatcccc catggaaact gcccttatcc 1140
gctgtccagc agctgccaga ggccccaggt cacctcgggt ccccttgaaa gaatgtctcg 1200
gtcacatcag gcccgtagg tccagagagc gagcccccaa tgcccgcca ggctaagccg 1260
cagagaccct ctacgcccc acctcaggtt agggctctgc ccgcagcctg acctctagcc 1320
ctggtggcag aggtccctca gctgcgagc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttgggcctgt ctgcaactgc atcctcttg gctctctag gggcccccca 1440
tgccccgtaa gaggtggaag acgcttcctt ccaggacagc aggttttgag tccagcacc 1500
ccagcctgcc ttggccacca gccccaccct gcagagtata tgaggettga cagagtctgc 1560
ccctccccc actgcacccc aagagagaga gccccagcca gcggaacagt ttctattacc 1620
cctccctgc cccagacccc atgtgatttc ctgtttcttc tttagcaaga tatttggtt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagcccca gtctcttcag actcatggat 1740
tggtctgagg ggtctgaacg tctcctagcc aatcagaact ggctgtggac caccctagca 1800
cggccacctc tcagggccac tggcaggcct tcctgagtta gatttgtagt tgcataattt 1860
gctttgcaca ttgaaataa accacggttg cagccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1917

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 518 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccgccgaag ccatggcaag120
caagggtcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca ccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggatcgga aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag caggagact tgggtgacct cccttcagg cgccatctag420
cacagcctgg cctgatctc cgggcagcca ccacctctc ggtctgcccc ctcattaaaa480
ttcacgttcc caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagttttg 518

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

5  ctccccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg cccccgcgcc 60
   gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgcta ggcccgctag ccgccgccct cctcctcagc120
   ctgctgctgt tcggtttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
   cccgagctcc aggttgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
   gacaacctca agtgctgcag cgcggtgtgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
   gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
10  tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
   gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
   agaaagtttc tgctggccc tgcctctggt tccagcccac ctgccctccc ctttttcggg540
   actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
   actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa
15                                     634

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```

20  (A) LÄNGE: 879 Basenpaare
     (B) TYP: Nukleinsäure
     (C) STRANG: einzel
     (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

25  (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
     hergestellt partielle cDNA

```

```

30  (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

30  (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

(vi) HERKUNFT:

```

30  (A) ORGANISMUS: MENSCH
     (C) ORGAN:

```

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

```

35  (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

40  ctggcccata aataggggtc tcctcagtgc cctccgctcc tcctgccacc tccctcgctc 60
   tcccacacca ctggcaccag gccccggaca cccgctctgc tgcaggagaa tggctactca120
   tcacacgctg tggatgggac tggccctgct gggggtgctg ggcgacctgc aggcagcacc180
   ggaggccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagtccctgg ggcgctggtt240
   cagecggggc ctgcctcca actcgagctg gctccgggag aagaaggcgg cgttgtccat300
45  gtgcaagtct gtggtggccc ctgccacgga tgggtggcctc aacctgacct ccaccttcct360
   caggaaaaac cagtgtgaga cccgaaccat gctgctgcag ccgcgggggt ccctcggtc420
   ctacagctac cggagtcccc actggggcag ccctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
   ctacgaccag tacgcgtgc tgtacagcca ggcagcaag ggccctggcg aggacttccg540
   catggccacc ctctacagcc gaaccagac ccccagggt gagttaaagg agaaattcac600
50  cgcttcttgc aaggccaggt gttcacaga ggataccatt gtcttcttgc cccaaaccga660
   taagtgcatt acggaacaat aggactcccc agggctgaag ctgggatccc ggccagccag720
   gtgaccccca cgtcttgat gtctctgtc tgttcttcc ccgagccct gccccggctc780
   cccgcaaaag caccctgcc cactcgggt tcactctgca caataaactc cggaagcaag840
   tcagtaaaaa aaaaaaaaaa gggaaagagg ggtgaggga
55                                     879

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

25  ctgagccgcc tgatttattc cgggccccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcgggggtctg 60
    agcagcccgag cgtgccattt ccagcgcccg cgtccccgca gcatgccgcg cccccgcctg 120
    ctggccgcgc tgtgcggcgc gctgctctgc gcccccagcc tcctcgtcgc cctggatata 180
    tgttccaaaa acccctgcc aacgggtggg ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
    ggagatgtct tcccctcgta cacctgcacg tgccttaagg gctacgcggg caaccactgt 300
30  gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctacagatc 360
    gccgcctcat ctgtgcgtgt gaccttcttg ggtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
    cgcctgaacc gcgcaggcat ggtcaatgcc tggacaccca gcagcaatga cgataacccc 480
    tggatccagg tgaacctgct gcggaggatg tgggtaacag gtgtggtgac gcagggtgcc 540
    agccgcttgg ccagtcataga gtacctgaag gccttcaagg tggcctacag ccttaatgga 600
35  cacgaattcg atttcatcca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtttgt gggtaactgg 660
    aacaaaaacg cgtgcatgt caacctgttt gagacccttg tggaggctca gtacgtgaga 720
    ttgtaccccc cgagctgcc aacggctgc actctgcgct ttgagctact gggctgtgag 780
    ctgaacggat gcgccaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagatc 840
    acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcatctct tcagctggaa cccctcctat 900
40  gcacggctgg acaagcagg caacttcaac gcctgggttg cggggagcta cggtaacgat 960
    cagtggctgc aggtggacct gggctcctcg aaggaggtga caggcatcat caccagggg1020
    gcccgtaact ttggctctgt ccagtttgtg gcatcctaca aggttgccca cagtaatgac1080
    agtgcgaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat cttccctggc1140
    aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcccatcct ggctcgctat1200
45  gtgcgcattc tgctgttagc ctggcacaac cgcctcgccc tgcgcctgga gctgtgggcl260
    tgttagtggc cacctgccac ccccagggtc tcctgctttc catgggcccg ctgcctcttg1320
    gcttctcagc ccctttaaat caccataggg ctggggactg ggggaagggga ggggtgttcag1380
    aggcagcacc accacacagt caccctccc tcctctttc ccacctcca cctctcacgg1440
    gccctgcccc agccccctaag ccccgctccc taacccccag tcctcactgt cctgttttct1500
50  taggcaactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aagggcaaag tagggcggt1560
    gggttccctg cccctgtccg gaccgcccag cccagggtgc tgtgtctctg tctctcctag1620
    cccctctctc acacatcaca tcccattggt ggcctcaaga aaggcccga agcgccaggc1680
    tggagataac agcctcttgc ccgtcgcccc tgcgtcgccc ctggggtacc atgtggccac1740
    aactgctgtg gccccctgtc cccaagacac ttccctttgt ctccctgggt gcctctcttg1800
55  ccccttgtcc tgaagcccag cgacacagaa gggggtgggg cgggtctatg gggagaaagg1860
    gagcgaggtc agaggagggc atgggttggc aggggtgggc tttggggccc tctatgctgg1920
    cttttcaccc cagaggacac aggcagcttc caaaatatat ttatcttctt cacgggaaaa1980

```

aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 732 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```
aaaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtgat gatgctgtga 60
caataagttt gaaccttttt ttttgaaaca gcagtcctcag tattctcaga gcatgtgtcal120
gagtgttgtt ccgttaacct ttttgtaaact actgcttgac cgtactctca catgtggcaa180
aatatggggt tttgaaagt ttttttcttc gtccttttgg tttaaaaagt ttcacgtctt240
ggtgcctttt gtgtgatgag ccttgctgat ggcttgacat gtgcaattgt gagggacatg300
ctcacctcta gccttaagg gggcaggag tgatgatttg ggggaggctt tgggagcaaa360
ataaggaaga gggctgagct gagcttcggt tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420
acaaaatctg aactctcaaa agtctatatt tttaactgaa aatgtaaatt tataaatata480
ttcaggagtt ggaatgttgt agttacctac tgagtaggag gcgatttttg tatgttatga540
acatgcagtt cattattttg tggttctatt ttactttgta cttgtgtttg cttaaacaaa600
gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat gcgctttatt gcccatggga tatgtggtgt660
atatccttcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaaga aaaaaggaaa aaaactcaag720
atagctcgtg cc 732
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

attgcagctg caaggtactc tggtagtgca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
tttggttgga ttgctctggg gtgggcagtt ttttgaaatg ggccaaccag aaaagcccaal20
gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggtttca tgtagttac cttatagtta180
ctgtgtaatt agtgccactt aatgtatgtt accaaaaata aatatactta cccagacta240
gatgtagtat tttttgtata attggatttc ctaatactgt catcctcaaa gaaagtgagt300
gtatttgtaa ataaagtcag atggaaaatt cattttttaa attcccgttt tgtcactttt360
tctgataaaa gatggccata ttaccccttt tcggcccccatt gtatctcagt accccatgga420
gctgggctaa gtaaatagga attggtttca cgcctgaggc aattagacac tttggaagat480
ggcataacct gtctcacctg gacttaagca tctggctcta attcacagtg ctcttttctc540
ctcactgtat ccagggtccc tcccagagga gccaccagtt ctcatgggtc gcactcactc600
tctcttctct ccagctgact aaactttttt tctgtaccag ttaatttttc caactactaa660
tagaataaag gcagttttct aaacttcctg t

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

gtcagatgag ctgattgggc agaaagtggc ccatgctctg gcagagggac tcgggagtaa 60
tgggcctgca attggggggg aggtttggtt ggaaggaggg ttggatgact gagaagggtg120
ttttcgagca gacaaaggct atcgcgagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
cctatgagcc tgtgtgggcc attggtactg gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgag gtggctcaga300
gcacccgtat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360

```

agcctgatgt ggatggcttc cttgtgggtg gtgcttcctt caagcccgaa ttcgtggaca420
tcatcaatgc caaacaatga gcccacatcca tcttgcttac ccttcctgcc agggcagggga480
ctaagcaggc gagaagccca gtaactgcct tttccctgca tatgcttctt gattggtgtg540
atgtgatgtc tttctgtggg cttaatgcaa agttgtatc 579

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

cccacccctcc ctaatttcca ctccccccac cccacttccg ctgcccgggt cgggtccgcg 60
gcctgcgctg tagcgggtcg cgccgttccc tggaagtagc aacttcccta cccccccca120
gtcctgggtcc ccgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctccagaggag gtgtcctgga180
tttccctggtt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca240
tccaggacaa atttaattctt actggactca atgagcaggt ccctcactat cgacaagctc300
tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagtg360
acctgattga gcaggcagcc gagatgcttt atggattgat ccacgcccgc tacatcctta420
ccaaccgtgg catcgcccag atgttggaaa agtaccagca aggagacttt ggttactgtc480
ctcgtgtgta ctgtgagaac cagccaatgc ttcccattgg cctttcagac atcccaggtg540
aagccatggg gaagctctac tgcccgaagt gcatggatgt gtacacacc aagtcacaa600
gacaccatca caccgatggc gcctacttgc gcaactggtt ccctcacatg ctcttcattg660
tgcatcccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagtt tgtgcccagg ctctacggtt720
tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc780
cagtcaagac gattcgtgta ttccctcccc cacctgtcct gcagtctttg acttttcctt840
tcttttttgc caccctttca ggaaccctgt atggttttta gtttaaatga aaggagtcgt900
45 tctcgtggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa968
aaaaaaaaa 968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1175 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

gccccgccccg cgctcagctctg cgcgggtgatt cactccctcc ttcgccccgg ggcccccttc 60
ccggccagac ggcgggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctcgaaacca cgagcaagtg 120
agcagatcct ccgaggcacc agggactcca gcccattgcca tggcggattc tgagcgctc 180
tcggctcctg gctgctgggc cgcctgcacc aacttctcgc gactcgaaa gggaatcctc 240
ctgtttgctg agattatatt atgcctgggtg atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
ggctactcct ccctgtcggg gattgagatg atccttgctg ctattttctt tgttgtctac 360
atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
accctcatag cggcaatcct ctacctgatc acctccattg ttgtccttgt tgagagagga 480
aaccactcca aaatcgctgc aggggtactg ggcctaactg ctacgtgcct ctttggtat 540
gatgcctatg tcaccttccc cgttcggcag ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
gcagatggcc cgggtgtagg gaacttcctt catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
tccattgaaa taactcctcc ccaccccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
ccctctttga ggtaaaagtg cctttatttg gagacttttg tcttccagcc tgccaatcaa 780
ccctcctggg tgtggccacc atatgtgtgt gcctagggtc tccttctgca cgatccaata 840
ggagacacca gttctgactg aacctatgcc ccacctaatg cacaaaatga gggaagtggg 900
gagttagatt tcagagtcca ggccctaggt tgggacccac tccaaataat ctctcgggtg 960
tgggtggttg ttctatagag ggataaatga ataataaaca ttgttaaaat atacgataat 1020
gaataaagta atcctttcat caaatgtggg taaatttcaa gcatcaggag ggggaaatgg 1080
agtggaaaca gctggggcaa ggaggcaaag aagccaggcc tgttttacia caaatattaal 1140
ttacttcaat aatgcaaacg agaggccccg tgcggg
1175

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

acctgcacca ggagacactg ggaggttttag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggcctgcga caagtgcagc ggaaatagaa 120
10 acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcactga 180
gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gcccttcgct ccacgcagaa aaccacactt 240
ctcaaaccct cactcaacac ttccctcccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg 300
aggtggctgt gctgggggca cccccagca ccctccttcc aaggtccacc gtgatcaaca 360
tccacagcga gacctccgtg cccgaccatg tcgtctggtc cctgttcaac accctcttct 420
15 tgaactggtg ctgtctgggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga 480
agatggttgg cgacgtgacc ggggcccagg cctatgcctc caccgccaag tgcctgaaca 540
tctgggccct gattctgggc atcctcatga ccattggatt catcctgtta ctggtattcg 600
gctctgtgac agtctacat attatgttac agataatata ggaaaaacgg ggttactagt 660
agccgcccc agcctgcaac ctttgcactc cactgtgcaa tgctggccct gcacgctggg 720
20 gctgttgccc ctgccccctt ggtcctgccc ctagatacag cagtttatac ccacacacct 780
gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gcttgtgaaa aaaaaaaaaa aaggaggggg 840
ggaaaaaggg g 851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

ctcgagccgt tttttttttt tattggtatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
50 tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt tttatctagga attgtcaaa agaatattcc 120
aaattggaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tcctgctttg agaataagca 180
cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgatacaat 240
ccaaactttg aaatgtttga cttctcagt ggctgtccct ctccactgca accccccttc 300
ctccagcctc ctgaaacatc gcactatcct ttggttaagca attccatata gatagctggg 360
55 ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattta tttctaaagt 420

```

ctaatagaga acagttttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
cattcttaac tctttcaact ccacctagat agctagtatc tacagatgat gcagaaaaga 540
ggtagggga gtactttcca atagtttatt gtattttctt aaatatcctt tctggaattt 600
tcagaaacaa aacataaaaa aattatatac tttattacaa atggtaaact cagagtgtct 660
5 caaatctctt atttacaac aacactgggc aggataccca aacaaacaaa caaataactt 720
acaaaggcat gaagctgttt attgacagta atcagctttc atcaaattaa aaaatatata 780
tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcatctgtag gctcagcctc 840
gctctcacia acctccctcc tgccgccct cccaaccct cccccgctt tgtgttctta 900
aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcagtt tgtaaccccc tccccctccc 960
10 cctttaata ctgaatgaga tcgaatgtta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacg1020
aaaaggtcca acgttccgtt cgcgcggg 1049

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

```

aatacaactg ccttgtcccc atcctctact tcgccatcta gaaagcccg ctcataagtg 60
aacgcttgac ttctcaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
gcttctcacg gcattcagca gcagcgttgc tgtaaccgac aaagacacct tcgaattaag 180
40 cacattcctc gattccagca aagcacgcga acatgaccga aatgagcttc ctgagcagcg 240
aggtgttggt gggggacttg atgtccccct tcgaccagtc gggtttgagg gctgaagaaa 300
gcctagggtc cttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
ccagcgacaa ggctaaggcg ggtectccg aatggctggc tgtggatggg ttggtcagtc 420
cctccaacaa cagcaaggag gatgccttct ccgggacaga ttggatgttg gagaaaatgg 480
45 atttgaagga gttcgacttg gatgccttct tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
atgaccttct gaccacgttg gatgacactt gtgatctctt tgcccccta gtccaggaga 600
ctaataagca gcccccccag acggtgaacc caattggcca tctccagaa agtttaacaa 660
aaccgacca ggttgcccc ttcaccttct tacaacctct tcccccttcc ccaggggtcc 720
tgtcctccac tccagatcat tcctttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatactg 780
50 aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctcag tgcataaagg 840
aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcactctgat gagccagag tcctatctgg 900
ggtctctca gcacagcccc tctaccaggg gctctccaaa taggagcctc ccatctccag 960
gtgttctctg tgggtctgce cgtcccaaac cttaacgatcc tctggagag aagatggtag1020
cagcaaaagt aaagggtgag aaactggata agaagctgaa aaaaatggag caaacaagag1080
55 cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctctt actgggtgag1140
gcaaagagct ggaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggattcc ctggccaagg1200
agatccagta cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa ggcaaggggg aagaaaagg1260

```

tcccctagtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgt acatagagtg ctgtagctgt1320
gtgttccaat aaattatttt gtagggaaag taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

tttttttttt	tttttttttt	tttttttttt	tttttttatga	atggaagcaa	aactttattc	60
ctcttggttg	gagaagagaa	ctagtgggtg	gttgtgtaca	ggacccccat	ccctcaccac	120
tcccagaacc	adagaagaca	agcagcgcca	ccaaatggct	ccctctgccc	aagtgaagac	180
cgagaggta	gcggctggct	ggggaggcag	gtgagcgtag	cacggcacag	ggcaggggag	240
gctgcagtga	caggcgggcg	gccagggcgg	cctgggcccg	gggtgagggg	aagagggcgg	300
ggctgcttgg	gtagcggggc	aggcttgggg	gctgccggct	ggcacggggc	ccagactcag	360
ggcaccacaa	cgcggtaggg	gctgcctggg	atgtgctcgt	ccccccattt	gaccaccagt	420
gtgtactccc	ccttgccttt	gagcaggtag	gacacgctgt	agagccggct	gcccacgtgc	480
ttcaccagga	tctcctcgca	gggggtcctt	gggccatgaa	ccccaccag	cagcatgttg	540
ttgcctgctt	tgtctcagtc	tactgtgaag	ctgctcttct	ggcctacgta	ggccttgctc	600
agccccaggc	ccttggccac	caccttgctg	gcgtcagcag	gcccaggacc	cggggcccca	660
tgtctggggg	cacaggtggc	cttggtcaga	gagtcataca	acactgatga	tgtctcgtgg	720
aggctgtggt	tgtctgacgag	acgggggcct	gtgactttgg	ccttgaaggg	gctgccccca	780
atgtggtagg	ggccgcccga	cttgatggag	atgaggtagc	tgccagggtc	catgggggta	840
taggtgacgc	ggtagccctc	agggcactcc	tggcaatcca	tcttcacctt	ggagggggcg	900
tcaatggtca	ccgacagggc	accagctccc	gcattgctcg	tgttcacgac	gaactcagct	960
gggttccctg	tgacaccggc	ttccagacct	gctccgtaag	cagacaccaa	gcctgggtcc	1020
cctccatgcc	caggctcccc	aactcggatc	ttgaaggggc	ttccagggat	gtgggtgccc	1080
ttgaacttga	cgtcaatcag	gtaaacgcc	ttctcccag	ggatgaagcg	cacagcatac	1140
ttatcttggt	caatttctgt	gacatagcac	tcctccaggg	ctcctgaggg	gctgtgcacc	1200
ttggcatcga	tcgccccctt	ggccccgttc	aggctgactg	caaaagaggc	tggctggttg	1260
acctttagcc	ctgactcctg	aaggctagaa	acagtgaggc	ggcgggctgc	gccagacggg	1320
gaagccacag	gcaccacgaa	ggggctgtcg	ggaatgtgtt	cctcgttgaa	cttgactgag	1380
acttcgtagt	cacctggctc	ctggaccaca	taagccacac	cacaggagcc	gtccttgccg	1440
tcctcaaaa	agatctcagc	cttgctgggg	ccctcgacag	caatggccag	gcctccagca	1500
ccagcttccc	gggtccagat	actgaattcg	gctggcactc	cagcttcagc	tctctccagg	1560
ccagggcccc	cagctcggac	cttgtgggct	cccccttccc	ctagggggccc	cacgggtgaac	1620
tgaagggggc	tcccaggcac	gtgctggccc	tgtgacttca	cgctgactgt	gtgtgtgccc	1680
atctcagcgg	gaacaaaagc	gatgcgttag	gtgtggttct	ccccctccac	gatctcggcc	1740
tcatgggtct	tgcccgatgg	gctggtcacc	tgggctgtca	tatcctggat	gctaatttcal	1800

```

5   gggattttca ggctgaggtc acaatgacta ccaacgttgg ccactgaagg agcccagacgc1860
    ctgcggttga tgctctcttt caccggggcc tcgcctgtca ccttcacaga gaaggggctg1920
    ccaggcacgt gctggtcggc aaacttgatg ttgatgatgt agttgcctgg ctctgtgggg1980
    cagtaggtga ccctgcacgt cccgtcctcc aggtcctctg tgttgatgtc caccttgctg2040
10  gggccctcaa tggacaggct gagcccacca tagcctgcat cgcggtatc aatgataaac2100
    tctgcaggct caaagggtgt gccttcgtga aggcctgac cagagaccg aacacgactg2160
    gcatcccaaa tttccgactg gctgatcacc accgggatgg ggctgctggc cacgtgctgg2220
    ccatttttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtctcct tgggcacgaa tgaaatcccc2280
    acgtggccat tacgcagccg cttcagcaaa cagggtcct cccggcccga gggcgggacc2340
10  acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca2400
    gagccgacct ttaggtggga catacgcatg gagtctcac ctg
                                     2443

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2693 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```

40  gactacgtgg agcccagcca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
    gatcgagcga agggccgcat gagcttgaaa gactggtttg ccaaaaggaa gaagttaaag 120
    cggcctccac agaggctggt tgatgctgag aagatcagggt ccctgggggg tgatgttgcc 180
    tctgatgggt acttcctcat ctttgagggg aaccgttaca gccggaaggg ctttctgttc 240
    aagagcttcg ccatgtctgc tgtgatcacg gaggtgtgta agccaacact ctctgagctg 300
    gaaaagtgtt aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtgactga gagcacaggg 360
    aaggagcggg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtagctc 420
    atcaacctgc agggcaagat cctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgccccaa 480
45  catgaggacc tcaaggacat gttggagtcc ccagcccagg aacttagaaa atacttcaag 540
    atgggggacc acgtgaagggt gattgctggc cgattcgagg gcgacacagg cctcattgtg 600
    cgggtggagg agaatttcgt tatcctgttc tctgacctca ccatgcatga gctgaagggt 660
    ctccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tgggggccag 720
    catgaatggg gcgagctggt gcagctggat cccagactg tgggtgtcat cgtgcgacta 780
50  gaacgggaga ccttcagggt gctgaacatg tacgggaagg tggtgactgt cagacatcag 840
    gctgtgaccc ggaagaagga caaccgcttt gctgtggcct tggactcaga gcagaacaac 900
    atccatgtga aagacatcgt taaggtcatt gatggcccc actcaggccg agaaggggag 960
    attcgccatc tcttccgaag cttcgccctc ctacattgca agaaactggt ggagaacggg1020
    ggcattgttg tctgcaagac ccgccacctg gtgctggctg ggggctcaaa gccccgtgat1080
55  gtgaccaact tcaccgtggg tggtcttgcg cctatgagtc cccggatcag cagccccatg1140
    caccacagtg ctggagggtca gcgtggcggc tttggtagcc cagggtggcg cagtgggtggc1200
    atgagcaggg gccggggccg gagggacaac gaactcatcg gccagaccgt gcgcatctcc1260

```

5 cagggggccct acaaaggcta catcgggtgtg gtgaaagatg ccacagagtc caccggcccgt1320
gtggagctgc actccacctg ccagaccatc tctgtggacc gtcagcggct caccacgggtg1380
ggctcacggc gcccgggcgg catgacctcg acctatggga ggacgcccac gtatggctcc1440
cagacgcca tgtatggctc tggctcccga acacccatgt acggctcaca gacacccctc1500
caggatggta gccgcacccc aactacggc tcacagacgc ccctgcatga tggcagccgc1560
actctgccc agagtggggc ctgggacccc aacaaccca acacgcccgc acgggctgag1620
gaagaatatg agtatgcttt cgatgatgag cccaccccgt ccccgaggc ctatggggga1680
acccccaatc cccaaacacc tggctaccca gaccctcgt cccacaggc caaccacaa1740
tacaaccgc agacgccagg gacgccggc atgtacaaca cagaccagt ctctccctat1800
10 gcggggccct cccacaagg ttccctaccag cccagcccca gccccagag ctaccaccag1860
gtggcgccaa gcccgaggc ctaccagaat acccactccc cagccagcta ccaccctaca1920
ccgtcgcca tggcctatca ggctagcccc agcccgaggc ccgttggcta cagtccctatg1980
acacctggag ctccctcccc tgggtggctac aaccacaca cggcaggctc aggcacgag2040
cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcagggtga aggtgcggga cacctacctg2100
15 gatacacagg tgggtgggaca gacagggtgc atccgcagtg tcacgggggg catgtgctct2160
gtgtacctga aggacagtga gaaggttgtc agcatttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
acccccacca agaacaacaa ggtgaaagt atcctgggcg aggatcgga agccacgggc2280
gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtccgta tggacctga tgagcagctc2340
aagatcctca acctccgctt cctggggaag ctccctggaag cctgaagcag gcagggccgg2400
20 tggacttcgt cggatgaaga gtgacccctc ttccctccct ggcccttggc tgtgacacaa2460
gatccctcctg cagggtcagg cggattgttc tggatttcct tttgtttttc cttttagttt2520
tccatctttt cctccctgg tgctcattgg aatctgagta gagtctgggg gagggctccc2580
accttctgt acctccctcc cacagcttgc ttttgttgta ccgtctttca ataaaaagaa2640
gctgtttggc ctaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2693
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

50 taaattcgcg gcccgctcgac tttttttttt tttttttttt agctctctta gaaattttat 60
tggtcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgtca gaggcccc aaccctcact120
gtttcccgtt gccattgatg gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
gcttggggcg ggcactgagg cggccacat atgctgagag cagggggaac gcatccaggc240
agccaggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag cagggtttag tcagcgaagg300
55 agatctggtc tcccacaatg aaggtcttgc ctccctgggt ctgggacagc agggctctcaa360
aaggcttcag ttgcccgggc agtgcttca catagtcac cttgcccgc tcatagttgg420
tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgtcattc accatgtcca480

```

ccagggtctgc ctctctgtgg tcttcccat agagcccaag ggtgcggccc aggtgacgca540
ggatggtatt ggactggtac agggtagagt ctccgtcctg gaacttgggg agctgcccgt600
ataggcagga ggctttgagt gagccctcct gccacgtctc cacggtcacc acctcctcct660
5 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgcgcagggc cgcgcagcgg cctcgaactg720
ggaaatagac cacggtgtag ggcgccatgg tggcgaagac tgcggcggcg aaactccagc780
gaaagcctcg cggcctccga gccttataag ggtggtcccg ccccgctccg cccagtgct840
gagtcacggc gccggccgct cttctggagg gtcccg 877

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

ccctctctct cagcgtctc tttcctacaa cctctctctc tcagcgttc ttctttcttg 60
gtttgatcct gactgtgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatggtgt120
35 ccaccttcca caagtactcg ggcaaaagg gtgacaagt caagctcaac aagtcagaac180
taaaggagct gctgaccgg gagctgcca gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240
ctttccagaa gctgatgagc aacttggaca gcaacaggga caacgaggtg gacttccaag300
agtactgtgt cttcctgtcc tgcacgcga tgatgtgtaa cgaattcttt gaaggcttcc360
cagataagca gcccggaag aaatgaaaac tctctgatg tggttggggg gtctgccagc420
40 tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt tttttttcc accctggctc cttcagacac480
gtgcttgatg ctgagcaagt tcaataaaga ttcttggaag ttttaaaaaa aaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa 548

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1221 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
15  tggaaacata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacaggga ggggccagga 60
    tctgctgctg gcaactgccc tcctggcgag ccgcgcctac gcggcccctg cccaggcca 120
    ggccctgcag cgagtgggca tcgttggggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
    gcaggtgagc ctgagagtcc acggcccata ctggatgcac ttctgcgggg gctccctcat 240
    ccacccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgctgggga ccggacgtca aggatctggc 300
    cgccctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
20  agcaggatca tcgtgcaccc acagttctac accgcccaga tcggagcgga catcgccctg 420
    ctggagctgg aggagccggt gaaggtctcc agccacgtcc acacggtcac cctgcccctt 480
    gcctcagaga ccttcccccc ggggatgccg tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
    aatgatgagc gcctcccacc gccatttctt ctgaagcagg tgaaggctcc cataatgga 600
    aaccacattt gtgacgcaaa ataccacctt ggcgccctaca cgggagacga cgtccgcac 660
25  gtccgtgacg acatgctgtg tgccgggaac acccgagggg actcatgcca gggcgactcc 720
    ggagggcccc tgggtgtgcaa ggtgaatggc acctggctgc aggcgggcgt ggtcagctgg 780
    ggcgagggct gtgcccagcc caaccggcct ggcatctaca cccgtgtcac ctactacttg 840
    gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtca ggcctgggtt ggccacctgg 900
    gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg ctccctaccc aggtggcgac 960
30  tggcccccac accctccctg ccccgctctg agtgcccctt cctgtcctaa gccccctgct1020
    ctctttctgag ccccttcccc tgctctgagg acccttcccc atcctgagcc cccttccctg1080
    tcctaagcct gacgcctgca ccgggcccctc cgcccctccc ctgcccaggc agctgggtgg1140
    gggcgctaata cctcctgagt gctggacctc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa1200
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1221
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 252 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

5 cagtacagag cgggacaggg tgctgccggc acagggctga ccacagagca catcaaaaga 60
 ggccccactg ctcagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag120
 catgagagag acaggcaggt caggccagga cgaggaggga ggcgggcatg tcccagcg180
 cgaacaggag tggctcagc tgaagctcga ggctgactg atgagacgag gcttgggatg240
 tccagagcag ac 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 733 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

35 gcgtcgacgg aggttgagac cagcctgacc aacatgatgt aaaaccccat ctctactaaa 60
 aatacaaaaa aattggctgg gtgtgggtgt gggcgccctgt agttccagct gctcaagagg120
 ctgaagcaca agaatcgctt gaacccagga ggtggagggt ggagtgaagg aagatcaagc180
 tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaagaa ataataataa240
 taagacaaaa gagacaaggt ctccaggctg gtcaactcct ggctcaaat gatcctcca300
 40 cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaaccatca ccatgtccag ctgtccccag360
 ctttctaate tggcttttct cttgccccag aacctcaaga aggcattgaag ccagccccctg420
 cagtgccgtc caccgcgcc tctgggcctg cctgtggctc tgttgccctc ctctgtggcg480
 gcaggacctt tgtggggctt cgtgccctgc tctggggccc aggcggggct ggtccacatt540
 cccaggcccc aacagccttc aaagatgggt aaaggagctt gccctccctg ggccccccac600
 45 cttggtgact cgccccacca cccccagccc tgccctgcc acccctccta gtgggggacta660
 gtgaatgact tgacctgtga cctcaatata ataatgtga tccccacccc aaaaaaaaaa720
 aaaaaaaaaa aaa 733

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```
20 cttctcccg tttctttttt tctttttttt cttttttttt ttttttttta aatttgacca 60
    aaaaaaattt attgtacaat taccaccacac tggatttgac tcagagagga ccccagagg120
    gtgtctccat cttccctatt tattttcagc ccttgagggc ttcattgtag atcaaagcca180
    agggccccag gaaggtgaca tactcctgga agttcacctc ctggtccttg ttccgggtcca240
    agtcttccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct300
    tctggatcag ctcttccagc tcttctttgc tcaggggtgtg cttgtcacc cccctgccgg360
25 agtacttgtg gaagatggc acgaggaggc caatggcctg atccaggggg catgccatgg420
    ctgagggctg ggcttggagc ggtagggagg cggccaaatg cgacgcgagc ggtcgagggg480
    atgggctgtg tcgcagtccg actggcctta tagcggtcgg tgccccggag gccagctcgg540
    ccaagccac cccgcccgc caagtcccgc ccgcgcccc cctgcccgg tggttacac600
    aacgcacatt cgcggtttac cccctcgact ttccacgcct cctgcccgg gctgttccgg660
30 gttaggacgg gatgggggag cccagcagtg cccactgcac gcctggtgac gactctccc720
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2124 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

5  caaacacgcg ggtcagctga tccggcccaa ctgcggcgctc acccggtat aagcgcacgg 60
   cctcggcgac cctctccgac ccggccgcgc ccgccatgca gccctccagc cttctgccgc 120
   tcgcctctcg cctgctggct gcacccgcct ccgcgctcgt caggatcccg ctgcacaaagt 180
   tcacgtccat ccgcgggacc atgtcggagg ttgggggctc tgtggaggac ctgattgcca 240
   aaggccccgt ctcaaagtac tcccaggcgg tgccagccgt gaccgagggg ccattccccg 300
   aggtgctcaa gaactacatg gacgcccagt actacgggga gattggcatc gggacgcccc 360
   cccagtgtct cacagtcgtc ttcgacacgg gctcctccaa cctgtgggtc ccctccatcc 420
10 actgcaaact gctggacatc gcttgctgga tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480
   gcacctacgt gaagaatggt acctcgtttg acatccacta tggctcgggc agcctctccg 540
   ggtacctgag ccaggacact gtgtcgggtc cctgccagtc agcgtcgtca gcctctgccc 600
   tgggcggtgt caaagtggag aggcaggtct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660
   ccttcacgcg agccaagttc gatggcatcc tgggcatggc ctacccccgc atctccgtca 720
15 acaacgtgct gcccgcttc gacaacctga tgcagcagaa gctgggtggc cagaacatct 780
   tctccttcta cctgagcagg gaccagatg cgcagctggg ggtgagctga tctgggtgg 840
   cacagactcc aagtattaca agggttctct gtccctacgt aatgtcacc gcaaggccta 900
   ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgaccctgt gcaaggaggg 960
   ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccgggtg atgaggtgcg 1020
20 cgagctgcag aaggccatcg gggccgtgcc gctgattcag ggcgagtaca tgatccccctg 1080
   tgagaagggtg tccaccctgc ccgcgatcac actgaagctg ggaggcaaag gctacaagct 1140
   gtccccagag gactacacgc tcaagggtgc gcaggccggg aagacctct gcctgagcgg 1200
   cttcatgggc atggacatcc cgcacccag cgggccactc tggatcctgg gcgacgtct 1260
   catcgccgcg tactacactg tgtttgacc tgacaacaac aggggtgggt tgcgcgaggc 1320
25 tgcccgctc tagttcccaa ggctccgcg cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag 1380
   agcaggaggc cctggccca gcggccctc ccacacacac ccacacactc gcccgccac 1440
   tgtcctgggc gccctggaag ccggcggccc aagcccgact tgcgtgtttg ttctgtggt 1500
   tccccctccc tgggttcaga aatgctgct gcctgtctgt ctctccatct gtttggtggg 1560
   ggtagagctg atccagagca cagatctgtt tcgtgcattg gaagaccca ccaagcttg 1620
30 gcagccgagc tcgtgtatcc tggggctccc ttcatctcca gggagtccc tccccggccc 1680
   taccagcgcc cgctgggctg agccctacc ccacaccagg ccgtcctccc gggccctccc 1740
   ttgaaaacct gccctgctg agggccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc 1800
   accctacctg ttacgtgtcc cgggcccgtt gaggatgagg ccgctagagg cctgaggatg 1860
   agctggaagg agtgagagg gacaaaaccc acctgtttgg agcctgcagg gtggtgctgg 1920
35 gactgagcca gtcccagggt catgtattgg cctggagggt ggggtgggat tgggggctgg 1980
   tgccagcctt cctctgcagc tgacctctgt tgcctcccc ttgggcggct gagagcccca 2040
   gctgacatgg aaatacagtt gttggcctcc ggcctcccc caaaaaaaaaa aggagaaaaa 2100
   aaaaaggcgg ccgccgacta gtga

```

2124

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 928 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

cggaacggtgg gcgcctgctg gcctccccctt acagtgtgtt ttcggggcgc tccgctggct 60
tcttggacaa ttgcgccatg tgtgctgctc ggctagcggc ggcgggcgcc cagtcggtgt120
atgccttctc ggcgcgcccg ctggcgggcg gggagcctgt gagcctgggc tccctgcggg180
gcaaggtact acttatcgag aatgtggcgt cctctgagg caccacggtc cgggactaca240
cccagatgaa cgagctgcag cggcgccctcg gaccccgggg cctggtggtg ctcggtctcc300
cgtgcaacca gtttgggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
agtacgtccg gcctggtggt ggggttcgag ccaacttcat gctcttcgag aagtgcgagg420
tgaacggtgc gggggcgcac cctctcttcg ccttcctgag ggaggccctg ccagctccca480
gcgacgacgc caccgcgctt atgaccgacc ccaagctcat cacctggtct ccggtgtgtc540
gcaacgatgt tgcttggaaac ttgagaagt tcttgggtgg ccctgacggt gtgcccctac600
gcaggtacag ccgcccgttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt660
ctcaagggcc cagctgtgcc tagggcgccc ctccctacccc ggctgcttgg cagttgcagt720
gctgctgtct cggggggggtt ttcattctat aggggtgttc ctctaaacct acgagggagg780
aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctggtcctgt tgatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag ttccccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaa900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 928

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 297 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

gcggcggtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca cctgtacga ggcggtgcgg 60
gaagtccctgc acgggaacca gcgcaaggcg cgcaagtcc tgggagacgg tggagttgca120
gatcagcttg aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtccca ctttcccgcc ccctaaagtt tctctgtgtg gtggtcctgg gggggaccca240
gcgagccaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttggga ataatcccc ccaacat 297

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1837 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

agcaggaggt tttcaacctt gtcacagagc agcacctacc ccctcctcct ttccacacct 60
gcaaactctt ttacttgggc tgaatattta gtgtaattac atctcagctt tgagggctcc 120
tgtggcaaat tcccggatta aaagggtccc tggttgtaa aatacatgag ataaatcatg 180
aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagtttctt gggctggacc gtttcaacag 240
agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggcttctg ggataggccc agaagttcct 300
gatgaccgag acttcgagcc ctccctaggg ccagtgtgcc ccttcgctg tcaatgccat 360
cttcgagtggt tccagtgttc tgatttgggt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
gacacaactc tgctagacct gcaaaacaac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagttagt 540
cctggagcat ttacaccttt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
aagggaattgc cagaaaaaat gccaaaaact cttcaggagc tgcgtgccca tgagaatgag 660
atcaccaaag tgcgaaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
ggcaccaatc cgctgaagag ctccaggaatt gaaaatgggg cttccagggt aatgaagaag 780
ctctcctaca tccgcatgtc tgataccaat atcaccagca ttctcaagg tcttctcct 840
tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
aaaggactga ataatttggc taagttggga ttgagtttca acagcatctc tgcgtgtgac 960
aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttgacaa caacaagctt 1020
accagagtac ctggtgggct ggccagagcat aagtacatcc aggttgtcta ccttcataac 1080
aacaatatct ctgtagttgg atcaagtgc ttctgccac ctggacacaa caccaaaaag 1140
gcttcttatt cgggtgtgag tcttttcage aaccgggtcc agtactggga gatacagcca 1200
tccaccttca gatgtgtcta cgtgcgctct gccattcaac tcggaaacta taagtaattc 1260
tcaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgt taatgtcatt gctaaaaaat 1320
aaataaaaagc tagatactgg aaacctaaact gcaatgtgga tgttttacc acatgactta 1380
ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaag aaattttgcc 1440
tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat 1500
attcttattt cactaaatgt aaaatttggg gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaagc 1560
ttttcttttt taatttccag gaaaaataaa aaagagtatg agtcttctgt aattcattga 1620
gcagtttagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatccccat 1680
cattactggt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta 1740
ctaattgcat tattttgaaa aaataaattt aaaaatacat tcaaaattaa aaaaaaaaaa 1800
aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaaagg ggggtgag

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1346 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```
cggctccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcggact tgaggaaacc 60
gcagataagt ttttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
tcaatagggt actaagatat tgcttagcgt taagttttta acgtaatttt aatagcttaa 180
25 gatttttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagcatg aggaaggaaa agataaaagg 240
tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
aagaaaattg agagaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
tttagattaa aatgaagggt acttaaacag cttaaagttt agtttaaaag ttgtaggtga 420
ttaaaataat ttgaaggcga tcttttaaaa agagattaaa ccgaagtgat taaaagacct 480
30 tgaaatccat gacgcaggga gaattgcgtc atttaaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
cgcagacgaa aatggaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
gaagtttgaa gtggaaaact ggaagacaga agtacgggaa ggcgaagaaa agaatagaga 660
agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
gaaaagtagg aagcagaaga aaaaagacaa gctaggaaac aaaaagctaa gggcaaaatg 780
35 tacaacctta gaagaaattt ggaagataga aacaagatag aaatgaaaa tattgtcaag 840
agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
aaaaatataa agccaaaaat tggataaaat agcactgaaa aaatgaggaa attattggta 960
accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctggtg gtgcagaagt tagaaggtaa1020
agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc1080
40 tagaagggga agttgggttaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtaattt1140
aaaaaaaaact aaggcagaag gcttttggga gagttagaaa agaatagaga agataggga1200
attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagtagg1260
ccctgcagtc ctactacagt ctggggtggg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc1320
45 ctgtcagggt ccactggggg gggggg 1346
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 251 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

15

```
ggagccgcag ggcccgtagg acgcccattg ggcgccagcc cggaatggca tggctcttgaa 60
gccccacttt ccacaaggac tggcagcggc gcgtggccac gtgggttcaac cagccggcccc120
gtaagatccg cagacgtaag gcccggaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgcggcccgcl80
gtgggggtccc atgcgggcca tgggtgcgctg ccccaagggt tgggtaccaca cgaagggtggc240
20 gccggccgcg g 251
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

25 (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

40

```
KNLSQLEPRE NAKEEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLP RR 60
RSPASPRSAH LHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHV V GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLG EGL180
LEV VHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
45 FSDLMLSLA GSFTSSW 257
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

50 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQGAYPREPG EDAPQDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHARDGG GGRSGGRPAT180
CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGEGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

5 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

10 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

25 GLTLKKGTFF RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDELI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

30 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

DVLDLSLNWDG ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

15 LGSRRREQKGP GRMTAQLVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPR L CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

35 READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PGPGPSSSPG LSAHDGTQVR 60
VHAGFCLGLH PSGAPRPQGQ SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120
PRLFSGGSPT GMGSDSGGS QGHLEP 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPFLAGARS SSHRRGFSPD 60
GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120
SMQGSAAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLLHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQT60
LELKVTASPD KVTKT 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

VQNIYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLVDKEE TEAQRGEVPG PRPHSQNLPL 60
DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

15 EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE PQFPHELLPAS60
RGRSPSPRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

20 (A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RPRPWFSQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWEDRAPA 60
REGKVPVCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCDSEGRD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180
40 LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

45 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

LGSRRQKGP GRMTAQLVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
SACHALTTLF FQPPFPFRS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLR GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSGFVL LFQMRYHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLLSSAY60
CYTIRLFLLS LIVCNA 76

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNQNSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK 45

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

5 EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGORYGPL SEPGSARAYS120
NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAVYE DRPPGSVVPT180
SAAEASRAMA GDTSLSENYA FAGMYHVFQ HVDEAVPRVR FANDDRHRLA CCSLDGSISL240
10 CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300
SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNVHVMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDAPEGRL360
WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINACLN420
KLLLYRVVDN EGTQLKRSF PIEQSSHPVR RSSVPSCPSA RGPAP 465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- 15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

30 SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCCTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS RMQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
35 TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGA SSTCWSKT 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 40 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60
RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCSRGA ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120
VWPHVSQIF 129

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

APRDLTQHPR RPPGGAWAAP QSHSSTLYLC KALSAVLRGG WVGREGLGQA LSSLSLWVGQ 60
EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCCFFNQG GASGFPQHNR SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120
LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

45

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFLFFFL VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
EQLLCCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQGERG WVGPOPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
SPQPGRGNLL ANPQRRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 163 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMVV GTGTSLALSS LLSLLLFAGM QMYRQLAST 60
EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFOAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120
VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60
LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120
QSSHQPRSQA RARRETDPEC SIKLILCKKK KKKK 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

5 FFFFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60
DTDSVDEARC KESQQEAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20
LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180
ASAL 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- 15 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

30 SNQRTIRKGS LSLDGTGPQR GKSDLPKVVVS KLLAQEPPSF LTERNISPLH CASSAGPLT60
CDVTLKRPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 35 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

50 PLSPHWAVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYPSLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60
QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNDWNKTA AI LTFEVLFKVW IPLAIFCFFP LTLNFNSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60
CQKAKEMPLV FSVLVLLTYS I 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDL P ALLDTS AEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60
SVD RKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLFKFGYH 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

ERFLTTC DGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
PCRNGGSCVQ PGRRCRPAGW RGDTCQSDVD ECSARRGGCP QRCVNTAGSY WCQCWEGHSL120
SADGTL CVPK GGPPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

GPTWPWDAVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEEGPAW PSAQSPRGGF 60
WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAAELLEGV120
HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQQVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRVGHPGG180
20 PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

40 VOLAFVVGQKS RLGSGAGHDG GGYGHLAAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARRPGRA60
AWFG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLLFAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL60
LGSG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQPAPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ GQEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ60
TRAE 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQSR HCAAPALPQC ALS 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

20

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHNV YSSGHHMHTG TEL

43

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

5 RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKT M QALEKAYIKD 60
CVSPSEYTAA CSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER IKEDRPITIK120
DDKGNLNRCI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

10 (A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

ROCKPWRRTPT SRTVSPFAST LQPAPGSWSN TKLPSGRSRA QKSALLTNSA ASSAWTARWP 60
WSGSRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120
MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA 170

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

50 ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM RCMVSISSRR 60
SGWISSMARN LQAQLVHARD EERDHVCDAE VEVALVVDG DGPVLLDPLH GQRAVQAELA120
AEFVNRADE 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

```
RAGGGGGQYC ERGEAAAQGE POHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDPEPDS 60
RHAAGQQVQ GPQAQVPAPG HTGPQPIRDH RAVEEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
PTYNRIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALEDGH180
20 TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGSV NFFRNWETYK QGFGNIDGEY240
WLGLENIYWL TNQGNKLLV TMEDWSGRKV FAEYASFRLE PESEYYKLRL GRYHGNAGDS300
FTWHNGKQFT TLD RDHDVYT GNCAHYQKGG WWYNACAHSN LNGVWYRGGH YRSRYQDGVY360
WAEFRGGSYS LKKVVMIRP NPNTFH                                     386
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

```
VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVGVIIPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
45 PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
YLLASCMSA VWFRIIFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM                                     338
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

15 SKTGEEERSE REGKPEIEGK PESEGEPPGSE TRAAGKRP AE DDVPRKAKRK TNKGLAHYLK 60
EYKEAIHDMN FSNE DMIREF DNMAKVQDEK RKSKQKLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120
GGCRAPRRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

20 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

35 ISLHPQKRPQ FLFAFSLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIHIM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60
FPGYIILSWA LSCSPCFTPW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

5 QDGGRRQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
VDQFLEDVRL QERTSGGLLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120
LILENTSKVP APKDVLHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRAQ ARLLNPSATR180
AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
VAPAGASYNP SFEDHQTLIS AAHEVELQRQ KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
10 GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- 15 (A) LÄNGE: 307 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

30 WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSL SRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPVERVCQLR 60
AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VLSLPPRLP PPPPPRQSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
GGPQRGLLYP QPVHSLPPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCKRLRQA240
35 PPPRRAPGTA WCAGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300
WPLLQKG 307

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- 40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQ GKATQ 60
VVWAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60
GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQVTC PTEYPCRHPK KVAGKCKKIC120
PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCA LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

PVPPSTPAVT PRKWLGSAAR FAQRTKQTLA TVRSVLPGVP RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60
SLCPGTRGLG LGGDPPEAG KRNLPDSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120
PDPGAEGHGQ SRQSDQDITK T 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNF KYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTG EKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPOSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQ L LSSL YGSRKNSTKM60
TGH PMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:

SCRCFYCMPD MPLTRFW RTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1939 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

30 CCAGTCAAGA ATCTCCCACT AAGCTTCAAA GTAGTGGATT ACAGCATGGC AACCATGCCA 60
GTAATTTGAA ATTTAGTAGA GAGGCTTTTCG CTTAGTAGAG ATGGGTTTTT GCAGGCTGCT 120
CCCGAACTCC TGACCTCACC CCACCCGCGG CAACCCCCC ATCGGGCCCC CAAAGTGCTG 180
GGGTTACAGG CTTAAGCCAC CAAGCCCGGC CGACCTTCTT CTATTTTTC ATTCTCCTTT 240
CCAAAGCCAT GGCCATGCGC TCCTGTGTAC AGGTGCATAA ACACATCAGT GTGCCATCCC 300
35 TCACATGCAT GTCGTTCCCC ACCCTCCTT CCCAGGGCTT CTCTTGGCTC CAGCGTTCCT 360
CTGGGACCCT CTGCAGATAC AGCCTGTGCT GGACCCCCAG CCAGGGTGAG GGCTCATTCT 420
GCTCTGTCTT CCCCCTGCC TCAGTTTCCC CCAAAGCTG CTTTCACGTC CTTCTAGTAG 480
GGGGCCTCCC ATGGGGGCAA GGATCCCCTT TAGGATTCAA TCTTTCCTCT TTGGGCAGTT 540
TTGGCTTTGA GTCCCCCAGG GATCAGGGTG AGAATGAAGA AGAGCTCAGT GAGCGGAATG 600
40 ACAGCAGCTG GGTGGGTGGT GTGGGGAGAG GCTGAGGGGA AGGCAGCTCT AAGACTGGGA 660
GTGGAGTTCC TGGAGGTGTG GGGAGGGGGG CGTGTTTTCA ATTTAGAAAA ATCTCAGCCA 720
GCTCGAGCCG AGAGAGAATG CGAAAGAGGA AGTTCGGAAG GAGCGAGGAA TGGGGTGGGT 780
GGCAGCGGGG GCCGCTCAGT CGCTGTGCT CTTGTCCACC AGCACGGCGT CCGACTCCTC 840
GGTGATCTCC AGCAGCGCGT GCACGTCGGG GCTGCTCCCG CGCCGCAGGT CGCCGGCCTC 900
45 CCCCCGCTCC GCGCCGCCCT CGTCGTCGTC GGCGCCACC TCCACCATCT CGGTGGCCTT 960
GAGCACTTCC ACCTGGCCCT CGCGGATCTT CTTGACGTGG AAGGTGAAGG GTGGCACCTT1020
GTAGACCGCG GTCTTGGAGC GCGCGTACAC CACGTGGTCG GCGGTGAAGG ATTTGCGCAA1080
CTTGTCCCGG GACGTCTTCA GTTTCTCGCG CCGCTCGCGG GGCACCAGGC GCGTGCCCAG1140
CTTGTTTCATG CGCTTCTCCA GGGTGTGCGG CGTCTTCTCC AGGTTTTCTT TGGTCTTGAG1200
50 GCGCGTCTTC TCCAGGTTCT CGCGGGTACG CACCTTGGTC TTCTCCATCT TCTCCTTGA1260
GAAGGCCTTC TTGAAGTCGT CCACGCGCCG CAGGCCCTGC GCTTGATACG CTCTGCGCGG1320
GACTCCTCAA TAACCTCCTC AACCTCCACC GCCTCGTCCG ACGAAAGCTC CAGCGCCGCT1380
GCGTCCTCCT CGGGCCGCTC GCCCTCGCCC AGCTCCTCGC CCTCCTTCTC TGGCAGCGCC1440
TCCGACTCTT TCAGCGATTT GCTGATGCTC AGTTTGCCG GCAGCTTCAC TTCATCCTGG1500
55 TAGATCATGA CTTTAAAGTT GCGGCGCCGC AGCAGCTCGG CCTCGTTGAC CTCCAGCTTC1560
TTGATCTGCC CCGCCTGGCG CTCCAGGCTG CCGCGCACGG TCTTCACGTT GACGCTGACC1620
TTGCGCACCT TCTCCAGCAG CTTGCTCACC GTATTGCTCG TGGTGGCGTG CGCCTTGCCC1680

AGCTTGCTCA GCTCGCCCTG GATGCTCTGC ACTGCGCCCT CCATCTCCGC CTGCCGCTCC1740
 TCCAGCTGTG CTTGAGTCAG CTGGATCTGG TCTACGGCCC CGATGATTTT GTCCAGGAGG1800
 CTCAGCACCA GCACGCCGTT CACCTGGTCC GACTTGATCA GCTCTTCTGA GCCGGCCCCC1860
 GACGGCTCCT CCGCTGCCTG AGCCCCAGCG GAGGAAGCTC CGGGGCCTCG GCGATCGGGG1920
 TACCCGGGCA AGCGGCCCG 1939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

CGGCTCGAGG TGCCCCCTGGG AACCCCCAGA ATCAGAGCCT CCCATGCCCG TCGGTGACCC 60
 CCCAGAGAAG AGGCGGGGGC TGTACCTCAC AGTCCCCCAG TGTCTCTGG AGAAACCAGG 120
 GTCCCCCTCA GCCACCCCTG CCCCAGGGGG TGGTGCAGAT GACCCCGTGT AGCTCGGGG 180
 TTGGTGCCGC CCACGGCTTT GGCCCTGGGG TCTGGGGGCC CCGCTGGGGT GGAGGCCAG 240
 GCAGAACCTT GCATGGACCC TGAATTGGGT CCCGTCGTGA GCAGAAAGGC CCGGGGAGGA 300
 TGACGGCCCA GGCCCTGGTT CTCTGCCAG CGAAGAGGAG TAGCTGCCGG GCCCCACGAG 360
 CCTCCATCCG TTCTGGTTCC GGTCTCTCCG AGTTTTGCTA CCAGCCGAGG CTGTGCGGGC 420
 AACTGGGTCA GCCTCCCGTC AGGAGAGAAG CCGCGTCTGT GGGACGAAGA CCGGGCACCC 480
 GCCAGAGAGG GGAAGGTACC AGGTTGCGTC CTTTCAGGCC CCGCGTTGTT ACAGGACACT 540
 CGCTGGGGGC CCTGTGCCCT TGCCGGCGGC AGGTTGCAGC CACCGCGGCC CAATGTCACC 600
 TTCACTACA GTCTGAGTTC TTGTCCGCCT GTCACGCCCT CACCACCCTC CCCTTCCAGC 660
 CACCACCCTT TCCGTTCCGC TCGGGCCTTC CCAGAAGCGT CCTGTGACTC TGGGAGAGGT 720
 GACACCTCAC TAAGGGGGCG ACCCATGGA GTAACGCGCC CGGCCCCGAT GCGAATCAGG 780
 CCTCCCCCTAC ATCTGGGGGC GTTGGCCGCG AGATTCCCAT TGACACCTTT GTTTCGTGTG 840
 CTTTTAAAT CAGGTTAAAT GTTGCAATAA TCTGATGCAG AAGACTCAGC TTCTCAAGGG 900
 AGAGGGAGGG GGCGGACGGA ATAAATAGTA ACTTATTTAA GAAATGCACT TGGATTCCCTG 960
 CCATCAGTCA GGGGCGGGGA AGGGAGTACC ATCCGCAGAT GGGTGCAGCA GGGACTTGGC1020
 CAGCAGGACA CAGGAGACTA GCAGAAGGAA GAGGCCGGGG AGGAAGAAGC CAGCCAGGAG1080
 GGGGAGCCTG GGGTACCCAG ACTCTGAGCC CCCTGATGCG GTGATGTGGC GGCGGATCCA1140
 GTTACGCTAG GCAGGGACAC GAGTGTAGAC TCCCCGGCCT GTTGGGGCGG TCGC 1194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 560 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```
CAGAGAACGT TTGTCTGCCT GATGAGAGCC ACTTGGGTTA AGAAACTACC TGTGAATAGT 60
CATCATTCTT GTCCTTCATT GGGGAATACT TTTAGAGGCC AGTTTCCAAA AATTCTGCTT120
AAAAAAGAAT TCTGGTTTTG TCTTACTCTT CCAGATGAGA TATCACAGAG GCTTGGGCCT180
AGATTGTCAT CAGCATACTG CTATACTATT CGTTTGTCTT TATTAAGCCT TATTGTGTGT240
AATGCTGTTA CTTTTTCAGA GTGTTGCGGA GATAGGAACA TGGGAGAGAA ACAATCTGGG300
25 TAACATGAAA GTGATGCTGG TTGCTAAGGG AAGGCAACTT GATTCTGTGG GAAGGGCTGT360
AGCTGATCCA TCCGTTGTCT AGATTGAGT ATGAGCACAG TGGAAGAGGA TTCTGACACA420
GTAACAGTAG AAACGTGTGAA CTCTGTGGAC NTTGACTCAG GACACAGAA GGAATCTCA480
TTCTTCACTG GCCTCAGGAA TTAGGGGGGT GNAATAGACT CAAGAGATAG TATTTAACCT540
NNCCACATAA AAGGGTTTGT 560
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3770 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

ATTCCGGAGC GTTTGCGGCT TCGCTTCATG GCCGCTCTCC CGCCCCCTCCT GGGATCTGTG 60
 GGGAGCTGGG GAGCCCGCAG CGGCCCGGAG CCGGAGCTGG CGAGCCGAGC GGAGACCTGT 120
 GCGCCGCGCC TCTGAGGCGC AGCATGTGAA GCGGAGACGG CATCCAGTGG GGGGCGAGCC 180
 5 TCTCAGCCGG CCGGGATGGC TACCACGGCC GAGCTCTTCG AGGAGCCTTT TGTGGCAGAT 240
 GAATATATTG AACGTCTTGT ATGGAGAACC CCAGGAGGAG GCTCTAGAGG TGGACCTGAA 300
 GCTTTTGATC CTAAAAGATT ATTAGAAGAA TTTGTAAATC ATATTCAGGA ACTCCAGATA 360
 ATGGATGAAA GGATTACAGAG GAAAGTAGAG AAAGTAGAGC AACAAATGTCA GAAAGAAGCC 420
 AAGGAATTTG CCAAGAAGGT ACAAGAGCTG CAGAAAAGCA ATCAGGTTGC CTTCACAT 480
 TTCCAAGAAC TAGATGAGCA CATTAGCTAT GTAGCAACTA AAGTCTGTCA CCTTGGAGAC 540
 10 CAGTTAGAGG GGGTAAACAC ACCCAGACAA CGGGCAGTGG AGGCTCAGAA ATTGATGAAA 600
 TACTTTAATG AGTTTCTAGA TGGAGAATTG AAATCTGATG TTTTACAAA TTCTGAAAAG 660
 ATAAAGGAAG CAGCAGACAT CATTGAGAAG TTGCACCTAA TTGCCCAAGA GTTACCTTTT 720
 GATAGATTTT CAGAAGTTAA ATCCAAAATT GCAAGTAAAT ACCATGATTT AGAATGCCAG 780
 CTGATTCAGG AGTTTACCAG TGCTCAAAGA AGAGGTGAAA TCTCCAGAAT GAGAGAAGTA 840
 15 GCAGCAGTTT TACTTCATTT TAAGGGTTAT TCCCATTTGT TTGATGTTA TATAAAGCAG 900
 TGCCAGGAGG GTGCTTATTT GAGAAATGAT ATATTTGAAG ACGCTGGAAT ACTGTCTCA 960
 AGAGTGAACA AACAAAGTTG AGATATCTTC AGTAATCCAG AAACAGTCCT GGCTAAACTT 1020
 ATTCAAAATG TATTTGAAAT CAACTACAG AGTTTGTGA AAGAGCAGTT AGAAGAATGT 1080
 AGGAAGTCCG ATGCAGAGCA ATATCTCAAA AATCTCTATG ATCTGTATAC AAGAACCACC 1140
 20 AATCTTTCCA GCAAGCTGAT GGAGTTTAAAT TTAGGTACTG ATAAACAGAC TTTCTGTCT 1200
 AAGCTTATCA AATCCATTTT CATTTCTCTA TTGGAGAAT ATATTGAGGT GGAGACTGGA 1260
 TATTTGAAAA GCAGAAGTGC TATGATCCTA CAGCGTATT ATGATTCGAA AAACCATCAA 1320
 AAGAGATCCA TTGGCACAGG AGGTATTCAA GATTTGAAGG AAAGAATTAG ACAGCGTACC 1380
 AACTTACCAC TTGGGCCAAG TATCGATACT CATGGGAGA CTTTTCTATC CCAAGAAGTG 1440
 25 GTGGTTAATC TTTTACAAGA AACCAAACAA GCCTTTGAAA GATGTCATAG GCTCTCTGAT 1500
 CCTTCTGACT TACCAAGGAA TGCCCTCAGA ATTTTTACCA TTCTGTGGA ATTTTTATGT 1560
 ATTGAGCATA TTGATTATGC TTTGGAAACA GGACTTGCTG GAATTCCTC TTCAGATTCT 1620
 AGGAATGCAA ATCTTTATTT TTTGGACGTT GTGCAACAGG CCAATACTAT TTTTCATCTT 1680
 TTTGACAAAC AGTTTAAATG TCACCTTATG CCACATAAA GCTCTTCTCC TAAGTTATCT 1740
 30 GAATGCCTTC AGAAGAAAAA AGAAATAATT GAACAAATGG AGATGAAATT GGATACTGGC 1800
 ATTGATAGGA CATTAAATTG TATGATTGGA CAGATGAAGC ATATTTTGGC TGCAGAAGTG 1860
 AAGAAAACAG ATTTTAAGCC AGAAGATGAA AACAAATGTT TGATTCAATA TACTAATGCC 1920
 TGTGTAAAAG TCTGTGCTTA CGTAAGAAAA CAAGTGGAGA AGATTAAAAA TTCCATGGAT 1980
 GGAAGAATG TGGATACAGT TTTGATGGAA CTTGGAGTAC GTTTTCATCG ACTTATCTAT 2040
 35 GAGCATCTTC GACAATATTC CTACAGTTGT ATGGGTGGCA TGTTGGCAAT TTGTGATGTA 2100
 GCCGAATAAC GGAAGTGTG CAAAGACTTC AAGATTCCAA TGGTATTACA TCTTTTGTAT 2160
 ACTCTGCATG CTCTTTGCAA TCTTCTGTTA GTTGCCCGAG ATAATTTAAA GCAAGTCTGC 2220
 TCAGGAGAAC AACTTGCTAA TCTGGACAAG AATATACTTC ACTCCTTCGT ACAACTCGT 2280
 GCTGATTATA GATCTGCCCC CTTGCTCGA CACTTCAGCT GAGATTGAAT TTACAAAGGA 2340
 40 ATTCAGTGTC AGTTCTTTTA CAGAGGAATG TCTTATACTT CAGCAGCCCT CGGTTGATAG 2400
 AAAGCACAGG AGATACCTTA TGACACAGCC AACATTTTGT GAAACAATGA CTGGAACAAA 2460
 ACAGCAGCCA TACTTACCTT TGAGGTTTTT TTTAAAGTTT GGATACCACT AGCTATATTT 2520
 TGCTTTTTTC CCCTCACATT GAATTTTAAAT TCCATTCTTG AATGTAGAAA TTTGAGATTC 2580
 TCTAAAACCTA CATGTCACCTG TTTTATCTCT TTAACATATT CCATTTAGAA ATTTTGCCAT 2700
 45 ATGTTACCAG TGTTTTCGGT TCTTGACTTT AGGAAAACCTA CATTTGTTAT TCCTCAGTTT 2760
 TCTGTTTTCC ATTAATAATA GGTGAAATAC AGGAAAACCTA CATTTGTTAT TCCTCAGTTT 2820
 TTAATGACCT TTTCAGCATC AATTGTTAAT CAGATTATTT TAGGTTTTCG TAAATAATTT 2880
 TTTTGCCTCT TTCAAAGGT TAACAATTAA GCATACTTTC TGCAGTTGGT TGATTGGATT 2940
 50 TTTTCTGAG GTACAGCATT AATACTAGTC CAAAAAATGT CATAAACTGA ACTAAAATGA 2940
 TGAACATTTT TATGTAGACA TTAGGAGTGG ATCGGAATAC TTCTGCTTTC TGGGTAACAA 3000
 TTAAGAGTTT ACTATTTCTT ATTTGGTAAA TAGATTTTAA GCCAATTCTA GTAAGAAATT 3060
 AATAAACTA CTTATTTTGT TATTTCACTT AAGGTGGAGG ACCTTAACCTA AAGGACCATA 3120
 TTTATTCATT ATTTTAATAT TATAAGGGAA GTAAAAAATA GTGAGGTATA GTCTAAATGG 3180
 TGCATATAGG AAATACTGAC AGTGTTTAGC AACATGCAGC CCTTTGAGAT TTCTGTCTGA 3240
 55 ATGCTAAACT TGAATAAGAT GGAATGGCTG AACATGTGGT TAGTCTTTTA TTTTAAGAAG 3300
 AATTGAGAAT TGATAGATTT GGAGATGAGC TTTGCAAAGG CTGTTTGCTT TTCATGTCTA 3360
 TAGGTCTGTC ATTGTCCTTT TTCAAAGCAT TTCTGAAGTT ATTCTACTT GGATATAGTT 3420
 AATGGAATTG GCTTAATTG ATGACATAAT AAATCACTTA TAAAATTTTA AATATCAAGT 3480
 GAAAATTTAG AAAGGCCATT ACTATTCTAT AAACCTTATA AACTTGCTCT GGGAGAATGC 3540
 60 ATTCTAAATT ATATATAGTG CTTTCAGTCC TTTCTGGTG TTCATAGTCT TCTAGGAACA 3600
 GATAAACTTA AGTATTCAAT TCACTCTTGG GCATTTTTTC CTTAAGACAC GGCTTTTGTAG 3660
 CCGATTTTTG GGAAAACCTG CTTTTCTTCT GAGGAACCTT ATTCTGGAAT GTCATCCACT 3720
 TTACCCAAAC CGTTCTAAGG TCCAGAGGCT AACCGAGGTA CTGGTTTAGG 3770

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3541 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

25
GCCAACCAGG GTCAGGCTGT GCTCACAGTT TCCTCTGGCG GCATGTAAAG GCTCCACAAA 60
GGAGTTGGGA GTTCAAATGA GGCTGCTGCG GACGGCCTGA GGATGGACCC CAAGCCCTGG 120
ACCTGCCGAG CGTGGCACTG AGGCAGCGGC TGACGCTACT GTGAGGGAAA GAAGGTTGTG 180
AGCAGCCCCG CAGGACCCCT GGCCAGCCCT GGCCCCAGCC TCTGCCGGAG CCCTCTGTGG 240
30 AGGCAGAGCC AGTGGAGCCC AGTGAGGCAG GGCTGCTTGG CAGCCACCGG CCTGCAACTC 300
AGGAACCCCT CCAGAGGCCA TGGACAGGCT GCCCCGCTGA CGGCCAGGGT GAAGCATGTG 360
AGGAGCCGCG CCGGAGCCAA GCAGGAGGGA AGAGGCTTTC ATAGATTCTA TTCACAAAGA 420
ATAACCAACA TTTTGCAAGG ACCATGAGGC CACTGTGCGT GACATGCTGG TGGCTCGGAC 480
TGCTGGCTGC CATGGGAGCT GTTGCAGGCC AGGAGGACGG TTTTGAGGGC ACTGAGGAGG 540
35 GCTCGCCAAG AGAGTTCATT TACCTAAACA GGTACAAGCG GGCGGGCGAG TCCCAGGACA 600
AGTGACCTA CACCTTCATT GTGCCCCAGC AGCGGGTCAC GGGTGCCATC TGCCTCAACT 660
CCAAGGAGCC TGAGGTGCTT CTGGAGAACC GAGTGACATA GCAGGAGCTA GAGCTGCTCA 720
ACAATGAGCT GCTCAAGCAG AAGCGGCAGA TCGAGACGCT GCAGCAGCTG GTGGAGGTGG 780
ACGGCGGCAT TGTGAGCGAG GTGAAGCTGC TGCAGCAAGGA GAGCCGCAAC ATGAACTCGC 840
40 GGGTCACGCA GCTCTACATG CAGCTCCTGC ACGAGATCAT CCGCAAGCGG GACAACGCGT 900
TGGAGCTCTC CCAGCTGGAG AACAGGATCC TGAACCAGAC AGCCGACATG CTGCAGCTGG 960
CCAGCAAGTA CAAGGACCTG GAGCACAAGT ACCAGCACCT GGCCACACTG GCCCACAACC1020
AATCAGAGAT CATCGCGCAG TTGAGGAGCA CTGCCAGAGG GTGCCCTCGG CCAGGCCCGT1080
CCCCCAGCNA CCCCCCGCTG CCCCCGCCCCG GGTCTACCAA CCACCCACCT ACAACCGCAT1140
45 CATCAACCAG ATCTCTACCA ACGAGATCCA GAGTGACCAG AACCTGAAGG TGCTGCCACC1200
CCCTCTGCCC ACTATGCCCC CTCTCACCAG CCTCCCATCT TCCACCGACA AGCCGTCGGG1260
CCCATGGAGA GACTGCCTGC AGGCCCTGGA GGATGGCCAC GACACCAGCT CCATCTACCT1320
GGTGAAGCCG GAGAACACCA ACCGCTCAT GCAGGTGTGG TGCAGCCAGA GACACGACCC1380
CGGGGGCTGG ACCGTCATCC AGAGACGCCT GGATGGCTCT GTTAATTCT TCAGGAAGT1440
50 GGAGACGTAC AAGCAAGGGT TTGGGAACAT TGATGGCGAA TACTGGCTGG GCCTGGAGAA1500
CATTTACTGG CTGACGAACC AAGGCAACTA CAAACTCCTG GTGACCATGG AGGACTGGTC1560
CGGCCGCAAA GTCTTTGCAG AATACGCCAG TTTCCGCTG GAACCTGAGA GCGAGTATTA1620
TAAGCTGCGG CTGGGGCGCT ACCATGGCAA TGCGGGTGAC TCCTTTACAT GGCACAACGG1680
CAAGCAGTTC ACCACCCTGG ACAGAGCTAC TGATGTCTAC ACAGGAAACT GTGCCACTA1740
55 CCAGAAGGGA GGCTGGTGGT ATAAGCCTG TGCCCACTCC AACCTCAACG GGGTCTGGTA1800
CCGCGGGGGC CATTACCGGA GCCGCTACCA GGACGGAGTC TACTGGGCTG AGTTCCGAGG1860
AGGCTCTTAC TCACTCAAGA AAGTGGTGAT GATGATCCGA CCGAACCCCA ACACCTTCCA1920
CTAAGCCAGC TCCCCCTCCT GACCTCTCGT GGCCATTGCC AGGAGCCAC CCTGGTCAACG1980

CTGGCCACAG CACAAAGAAC AACTCCTCAC CAGTTCATCC TGAGGCTGGG AGGACCGGGA2040
TGCTGGATTC TGTTTTCCGA AGTCACTGCA GCGGATGATG GAACTGAATC GATACGGTGT2100
TTTCTGTCCC TCCTACTTTC CTTCACACCA GACAGCCCCT CATGTCTCCA GGACAGGACA2160
5 GGACTACAGA CAACTCTTTC TTAAATAAAA TTAAGTCTCT ACAATAAAAA CACAACGTGCA2220
AAGTACCTTC ATAATATACA TGTGTATGAG CCTCCCTTGT GCACGTATGT GTATACCACA2280
TATATATGCA TTTAGATATA CATCACATGT GATATATCTA GATCCATATA TAGGTTTGCC2340
TTAGATACCT AAATACACAT ATATTCAGTT CTCAGATGTT GAAGCTGTCA CCAGCAGCTT2400
TGCTCTTAGG AGAAAAGCAT TTCATTAGTG TTGTATTACT TGAGTCTAAG GGTAGATCAC2460
AGACTGTGTG GTCTCAACTG AAAGGATCAC CCTTGGCATC TGTGTGCCTG GATTCTTCCA2520
10 GAATGTCTAC AATGCTAATC TCTCACATAG AGGTTCACAG CTTCTTAAGA ACCCCTTTTG2580
GCACCTAATC AAATTTCAAA ATCCCTCCCC CCACATTTTC ATACTTTTCC CCATTCTCAG2640
GACTTTTCAC CATCCATCAC CCACTTATCC CTTCAATTGA CACCATTATC TAAGTGCCTT2700
CTGTGTGTCA GTCCCTGGCC ACTCACTGCA GTTCAAGGCC CCCTTTCCGC TCTGCTGTAC2760
TCCTCGCCTA CCTACTCCTT GCCTTTCTGT TCGCACAGCC CTTCTTTTCC AGGCGAGATT2820
15 CCTCAGCTTC TGAGTAGGAA ACACCTCCGG CTCCAGGTTT CTGGTTGGGA AGGGAAGGCC2880
AGGCCAAAAG CTCCACCGGC CGTATAGATA ATGTACTCGC AGTTTGTAT CTTCCATTCA2940
TACTTTAACC TACAGGTCAT TTGAGTCTTC ACACAAATAA TAACCTATCT GGCCAGGAGA3000
ATTATCTCAG AACAGAAGTC ATCAGATCAT CAGAGCCCCC AGATGGCTAC AGACCAGAGA3060
TTCCACGCTC TCAGGCTGAC TAGAGTCCGC ATCTCATCTC CAAACTACAC TTCCCTGGAG3120
20 AACAAAGTGC ACAAAAATGA AAACAGGCCA CTTCTCAGGA GTTGAATAAT CAGGGGTAC3180
CGGACCCCTT GGTTGATGCA CTGCAGCATG GTGGCTTTCT GAGTCTGTT GGCCACCAAG3240
TGTCAGCCTC AGCACTCCCG GCACTATTGC CAAGAAGGGG CAAGGGATGA GTCAAGAAGG3300
TGAGACCCCT CCCGGTGGGC ACGTGGGCCA GGCTGTGTGA GATGTTGGAT GTTTGGTACT3360
GTCCATGTCT GGGTGTGTGC CTATTACCTC AGCATTCTC ACAAAGTGTA CCATGTAGCA3420
25 TGTTTGTGT ATATAAAGG GAGGGTTTTT TAAAAATAT ATTCCAGAT TATCCTTGTA3480
ATGACACGAA TCTGCAATAA AAGCCATCAG TGCTATTTGG ATGTAAAAA AAAAAAAG3540
G 3541

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2050 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

55

AGAAAAGTTT ATAAACCAAT TAAGGGAGAA AATAAAATTC AACTAGGCTT GCAGAATAAT 60
CAGTGGCAAT CATGAAATCC ACTTCCCAAT TTGGCCTACT TCCTTGTAGC TAGTTACTTC 120
TTACTCCCCC AAGATAGTGT AGCCCTTGTC ACAAGACTGT GTTCCTTTTC TTTTCTATAG 180
ATAAGATCTA AGGCACATGA GATGATATGC TTTCTGTTTG AGTTTCTCCT TTATGTTACG 240
CATACTGATA AAATTGTTGA TGCCAGTTGA TCTGAAGGTC CCAGCAAGGA GCCGACTCAC 300
AGAAGAATGA AGTTTTTACA TCATGATGAT TTAATCTTCC TTGACCTGAG CAATTGACAA 360

5
10
15
20
25
30

```
CCCCAATTCT CCAGAACCTC ACCCGCCACA ATCCCCCTTAA AAACCCTGGC CCAGAACCCC 420
TCAAGCAGAC AGATGTGAAG CTTGAGGATT CCTTCATCTC TTTGCCCAAT GGCATTGTGA 480
TTATTAAACT CTTTTTCTGC TGCAGGGTCG GCCAGACAAG ATGGCGGCAG GAGGCAGTGG 540
CGTTGGTGGG AAGCGCAGTC GAAAAGCGAT GCCGATTCTG GTTTCCTGGG GCTGCGGGCC 600
ACTTCGGTGG ACCCAGCGCT GAGGCGGCGG CGGCGAGGCC CAAGAAATAA GAAGCGGGGC 660
TGGCGGCGGC TTGCTCAGGA GCCGCTGGGG CTGGAGGTTG ACCAGTTCCT GGAAGACGTG 720
CGGCTACAGG AGCGCACGAG CGGTGGCTTG TTGTCAGAGG CCCCAAATGA AAAACTCTTC 780
TTCGTGGACA CTGGCTCCAA GGAAAAAGG GTGACAAAGA AGAGAACCAA AGTCCAGAAG 840
AAGTCACTGC TTCTCAAGAA ACCCCTTCGG GTTGACCTCA TCCTCGAGAA CACATCCAAA 900
GTCCCTGCCC CCAAAGACGT CCTCGCCAC CAGGTCCCCA ACGCCAAGAA GCTCAGGCGG 960
AAGGAGCAGC TATGGGAGAA GCTGGCCAAG CAGGGCGAGC TGCCCCGGGA GGTGCGCAGG1020
GCCCAGGCCC GGCTCCTCAA CCCTTCTGCA ACAAGGGCCA AGCCCGGGCC CCAGGACACC1080
GTAGAGCGGC CCTTCTACGA CCTCTGGGCC TCAGACAACC CCCTGGACAG GCCGTTGGTT1140
GGCCAGGATG AGTTTTTCCT GGAGCAGACC AAGAAGAAAG GAGTGAAGCG GCCAGCACGC1200
CTGCACACCA AGCCGTCCCA GGCGCCCGCC GTGGAGGTGG CGCCTGCCGG AGCTTCCTAC1260
AATCCATCCT TTGAAGACCA CCAGACCCTG CTCTCAGCG CCCACGAGGT GGAGTTGCAG1320
CGGCAGAAGG AGGCGGAGAA GCTGGAGCGG CAGCTGGCCC TGCCCGCCAC GGAGCAGGCC1380
GCCACCCAGG AGTCCACATT CCAGGAGCTG TGCAAGGGGC TGCTGGAGGA GTCGGATGGT1440
GAGGGGGAGC CAGGCCAGGG CGAGGGGCCG GACGGTGGGG ATGCCGAGGT CTGTCCCACG1500
CCCGCCCGCC TGGCCACCAC AGAGAAGAAG ACGGAGCAGC AGCGGCGGCG GGAGAAGGCT1560
GTGCACAGGC TGCGGGTACA GCAGGCCGCG TTGCGGGCCG CCCGGCTCCG GCACCAGGAG1620
CTGTTCCCGC TGCGCGGGAT CAAGGCCAG GTGGCCCTGA GGCTGGCGGA GCTGGCGCGG1680
CGGCAGAGGC GCGGCGAGGC GCGGCGGGAG GCTGAGGCTG ACAAGCCCCG AAGGCTGGGA1740
CGGCTCAAGT ACCAGGCACC TGACATCGAC GTGCAGCTGA GCTCGGAGCT GACAGACTCG1800
CTCAGGACCC TGAAGCCCGA GGGCAACATC CTTGAGACC GGTTCAAGAG CTTCCAGAGG1860
AGGAATATGA TCGAGCCTCG AGAGAGAGCC AAGTTCAAAC GCAAGTACAA GGTGAAGCTG1920
GTGGAGAAGC GGGCGTTCCG TGAGATCCAG TTGTAGCTGC CATCAGATGC CGGAGACTCG1980
CCCTTCAATA AAAAATCTCT TCTAGCTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAGGCGGCT2040
CGCGATCTAG 2050
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

55
60
120
180
240

```
GGTATTCTTA AAACATAAAG AGGAGAATTA AGTCAGCTGC AGAACAATGG GGCTGATTCT 60
TCTGCTTTTT CTCTGGAAAA TCTTTCATTG CTTTGGTGG AAATTACCT AGAGGTACA 120
ACCACAGGAT GTAGCTTGGT CTCTATTG CTTTTTGGG AAACCAATTA AGATTAATAC 180
AGGATAAAGG AAAAAAGCAA TCTATTCATT ATATAACACA GTTGTGTGTA TACTTGTTC 240
```

CCTGCAAAGG AAATCTGTTG AATGCTTGCA TTTTGAATTC TTTTCTAATA GAACAACCAA 300
 AAAAGGCTTC TTATGGTGCA GCAGGAAAAA AGATCATTTT TATAGCTTTG CATTCTTAAC 360
 ATAGCATTTA AAGAGCGGCA TGAATTAGAG GAAAGACATG GAACACACAG GTAGTCGGTT 420
 TGAGATCATC GGCTTAAAAG TATCCTAGGA TGGTAATGAC CCAGAAGTAT TTCCAGTTGT 480
 5 CTAGTGGTGT GGTATGCAGG AATGAGAAGT GTTTTCTTTC CATTTCTGTG TGGACAGGTG 540
 GCAATCTTAG CAGAGCCACT ATTTGGAGTT GATAACTAAA GATGCAAATA ACATGACTAT 600
 GCCTTCTGGT CATCCTAGGA CTATTTGGAG TTCTCCAAAA CCTTGTAAGA GGCATGTCAG 660
 GCATGCAGTA AAAGCATCTA CAACTTCAGC TGGGCACTGG CAGCATAGGT CTCATCTTGG 720
 ACCATACAGT CCCACTTTAT AGAAGAGGGT GGAAGTTCTC CAAAACAATA TCCACAACAA 780
 10 AGTCTGACCT CACTCTGAGG GAGATGGGAA GTGGGAGGAA GAAGGACTAA CCAGTCCCT 840
 GGAGTAAGAG GAATTTGCTT TCCCTGTCTG CCCACCAGGG GCTATATGTG CCACCTTTCA 900
 GGTTGGGGCC AAGGAAGTGA TGTCAGTGTG ACAGAAGGGA GAGTTAGACC TCCAGACGTC 960
 AGCCTCCCTC CCATGGGGTA CATTTTCAAT CTGAGTGTG TTGCCCTTAGC TGTGTTGGTA1020
 TTAGCTTGAT TGGTTGGTCC GCTGGTTATG AGGTGTAGGG AGGCAGTTTT TGTTTAGTTTT1080
 15 TTAGGACTTT GCCTCTTCCCT TTGTCTTAG CATAATTTCT AGGCAGAGCA TCCACGAAGT1140
 CGGTTTTTCAT TGCCAGCTCA AGAGCGACAA TCATTTACGA GTTCTATGT TATGTTAGGT1200
 GCCTTATGTA TATTATCCCA AATCCACTGC ATGGTTTAAA TACAGGCACT GGAATATAAA1260
 TGAAAAAGGT CATTACAGTC ACTGACTTTC TGCAGGACCT TAAACATTTT TCTTTCCACA1320
 AGTTTCCCTT TAATCATGTG TCAAACCTCT CTTCTGACG GGAATGTTGT GCTATAATGA1380
 20 ATCTGCATAA CGCTTGGGAT TCTAGGAGGA AGGAAGGTTT CATGGACATG TAAGTACAGC1440
 ATATTTCCCT CAGTCTTCTA GGAGGGCAGA GTGAATCCCA GAACTGGTAA GATTGGGAAT1500
 CTGAGCATTG CCACCTTAAT CTTAGAATAT TTATCATTTT GACACATCCT GTTTTTTAGA1560
 GAGGAAAACA AACACAGTTT CTGCATTGGT AGTGTAAAGC ATACCTTGTT AGGAACGTGT1620
 TTTGTAAGAC ACATTTGGGT TGTCATTCTA GAGCATGTCA AACTTTGTAC TTCAAATAT1680
 25 ATTTAGTATG ATTGTTAGTG GTAACATATA TCAAGGCTTT GAATTAAGT TTTTATTAA1740
 TTTTCACAAG AAGCACTTAT TTTAGCCATA GGAAAACCAA TCTGAGCTAC AAATAGTTCT1800
 TTAAAATAAG CCCAGGTTAT TTAGCTATTC TAGAAAGTGC CGACTTCTTT CAAGAAGCAG1860
 GCATTGTAGG ACAGCTGAGA ATTATCACAT AGCCTAAATT CTAGCCTGGC AGCAAGAGTC1920
 ACATCTGAGA TGTCCAAAAA AAAAAAATAA AAACACCTGA TCTACATTGA AAGGGGGTAG1980
 30 ACTAACGTAT GTGAGACCAT TTTCTATTTT CGCTGTACAA GGTAAAGAA CTTTGAAGGT2040
 CATTGGGCTG CTAAGAGGCA TGTCGAACAT TCTGTGTGGC TCTTTCACAG TAAACCTCC2100
 TAAGAGCAGA AGACACATGG CTGTTAGTGT CTGCGTTTAG ATTTAATTTT TCAAATAAAG2160
 GCCCTTGGCT GCGTATCATT TCATCCAGTT ATAAACTAGG GCTCCTGCAA GCACCCCAT2220
 TCTAAGGGTG AATTATTGAA ATCAGTTGCT ATTTGATGAG TCACAAGTGG CCCAGCAGGC2280
 35 AGGGCATTG AAGTCATGGT CATCAAAAAG AAATGATTGT TTTTGAAGAA GCTAAATGCT2340
 TAAAATGCTT CTAGAGGGAA GTCGTGGGGC GTGTGCTCAT TCTCTTTAAA ATCAGGGTTG2400
 TTGAGTTTGT TTTTAAACAT TTTTATAAGT TCATGAGAAA AAATATATAA ATTCTAAGAA2460
 CCAACACTGT ATTTCCAGAA ACATGACCCT CGTGGTCTT GGGTCCACAT ATCATTTGGAC2520
 TCTGGGGGAC ACAAAGATGC CTGTGACACT TTGGTGTGCG CGAGTTAGTC AACAAATATT2580
 40 CTGGGAAAAA GCAGAATTGA ATTCTTCTCT AGATGTCCTA CCAGGGTTGG CCAAGGGGAG2640
 CAAAGCAGGC TAATAAATTC CCACAGGATC CAGACACCAG GCAAAATTGC TCTAAGAAGC2700
 CAGTTACTGT CATCCCTCTA TGGTTCTAGA AAAAATAGTA CAAAAATGAC AGGTATCTCT2760
 ATGAGCGTCA TGCCAATGAA ACCCATCTT CTGGAGAAGC CCTTGAATCA GAATTATCTT2820
 TTTTCTTGAT GTCGTCAGAT GCAGCCAGTT TCTTAATTTT TTTAAAAACT GTATGTTTCT2880
 45 GTGGTATGTA TATTTGTACA CCTAACTACC TGGCACTTGG AAATCACAGC ACTACTCAGA2940
 GGCAATTGAA TAAAGAGAAA TTTAATTTTA AATATCAAGT CCTGTCAAAC ATTTCTCAA3000
 CTTCTGATTT TATCAAAGGT TTGCCAGCCA ATAAAGTGCA TCCCAAGTAT ACAGGGGAGA3060
 AAGCTAGACT CCTACAGGGT CTTAGAGTTT AAGTAATTTT TTTGTTATTA ATATAGGTAA3120
 TAATTTTCT AATTTTATTT TTTTGGTTCC AAATGTAAAG CTCCTTGTGT TTACCTCTGT3180
 50 TTATGTCATT CTTGACATGT TTATCTAAAT TATGTGTGCT CTGTGACAGG TGAAATGTAA3240
 ATCTGGGATC CATAGTCAAG ATATCATAAG GACCTACTTC CCAGCCTACC TTTCTTCTC3300
 TACCTGATAA TGATAATACT CAAAATAACA ACATCAAAAG GAAACACAAA GAAATCCTGC3360
 TTTACATCT CTTATTTCTT GGGCTCTTCA ATAACACTG ATGGTTTGT CATGAAAAAA3420
 AATTTTTTAAA TCAAAAGATT GTACTTGGCC CTGAGTTGAA AAAATTTCAA AAATCAAAAG3480
 55 TTTGTACTTG GCCCTGAGTT GAAAAAATAA ATTCACATTC TAAGAATAAA CAGAAAAATG3540
 TTCTTCTTGG AAGTAAATAA CAAAAGCCAT AGTGTTTTCA TTTGTCTTTT CTTCAGGATA3600
 CACGGTAGAA GTCAGAGAAT CTTTGATACT TTTATTTGGT GCAATAATCA AGGCCATGCA3660
 ACAACCCAAA ATCAAGCATT TTGGTTCAAG TCAGGATGAC ATGAGTGGGG ACAGAAGCTG3720
 TGGCAGTCAT TCAATAATC TCATGGGTCC TGAGGAAAAA ACAGGAGTTA ACGTATTAAG3780
 60 TTTCTACTAT ATGCAGGAAC TGTGTTAAAT ATTTTACATA AGTTTGTATA ATAGCTAACA3840
 TTAGCTGAGC ACAAATTTTG GGCCCTGATT TGTGCTGAGT ATCTTTCACA GATTACTGCT3900
 TTTAATCAGC AGTCTTGTG AGCTAGGTAT GATCATTATC CCCATTTATA GATTACGGAT3960
 GAGATTCG

3968

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 329 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

DSIFPLWAVL ALSPPGIRVR MKKSSVSGMT AAGWVVWGEA EGKAALRLGV EFLEVWGGGR 60
VFNLEKSQPA RAERECERGS SEGARNGVGG SGGRSVAVAL VHQHGVRLLG DLQQRVHVGAI20
APAPQVAGLP PLRAALVVVG AHLHHLGGLE HFHLALADLL DVEGEGWHLV DRGLGARVHH180
VVGREGFAQL VPRRLQFLAP LGGHQARAQL VHALLQGVPR LLQVFLGLEA RLLQVLAGTH240
LGLLHLLLGE GLLEV VHAPQ ALRLIRSARD SSITSSTSTA SDESSSAAA SSSGRSPSPS300
SSPSFSGSAS DSFSDLMLS LAGSFTSSW 329

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTORRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPDQGKP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHRDGG GGRRRRRRGRR180
GAGGGRRPAA REQPRRARAA GDHRGVGRRR GGQERQRLSG PRCHPPHSSL LPNFLFRILS240
RLELAEIFLN 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

RPRPWFSQR RGVAAGPHEP PSVLVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRA 60
REGKVP GCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNVTF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCD SGRGD TSLRGRPHGV TRPAPMRIR PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180
LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
QLPAQPRLLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
10 SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLRL GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LGSRRREQKGP GRMTAALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
30 SACHALTTLF FQPPFPFFRS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

QRTFVCLMRA TWVKKLPVNS HHFCPSLGNT FRGQFPKILL KKEFWFCLTL PDEISQRLGP 60
RLSSAYCYTI RLFLLSLIVC NAVTFSECCG DRNMGEKQSG 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

RMRFPPFCVLS QXPQSSQFLL LLCQNPLPLC SYSNLDNGWI SYSPSHRIKL PSLSNQHFFH60
VTQIVSLPCS YLRNTLKK 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

FLRPVKNEIP XLCPEXSTE FTVSTVTVSE SSSTVLILKS RQRMDQLQPF PQNQVAFP 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 728 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

GAACEAETAS SGGRASQPAG MATTAELEFEE PFVADEYIER LVWRTPGGGS RGGPEAFDPK 60
RLLEEFVNHI QELQIMDERI QRKVEKLEQQ CQKEAKEFAK KVQELQKSNQ VAFQHFQELD120
EHISYVATKV CHLGDQLEGV NTPRQRAVEA QKLMKYFNEF LDGELKSDVF TNSEKIKEAA180
DIIQKLHLIA QELPDRFSE VKSKIASKYH DLECQLIQEF TSAQRRGEIS RMREVAAVLL240
HFKGYSHCVD VYIKQCQEGA YLRNDIFEDA GILCQRVNKQ VGDIFSNPET VLAKLIQNVF300
EIKLQSFVKE QLEECRKSDA EQYLNLYDL YTRTTNLSSK LMEFNLGTDK QTFLSKLIKS360
IFISYLENYI EVETGYLKS R SAMILQRY YD SKNHQKRSIG TGGIQDLKER IRQRTNLPLG420
PSIDTHGETF LSQEVVVNLL QETKQAFERC HRLSDPSDLP RNAFRIFTIL VEFLCIEHID480
YALETGLAGI PSSDSRNANL YFLDVVQQAN TIFHLFDKQF NDHLMPLISS SPKLSECLQK540
KKEIIEQMEM KLDGTGIDRTL NCMIGQMKHI LA AEQKKTDF KPEDENNVLI QYTNACVKVC600
AYVRKQVEKI KNSMDGKNVD TVLMELGVRF HRLIYEHLRQ YSYSCMGGM L AICDVAEYRK660
CAKDFKIPMV LHLFDTLHAL CNLLVVAPDN LKQVCSGEQL ANLDKNILHS FVQLRADYRS720
ARLARHFS 728

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

RKELDSVPTY HLGQVSILMG RLFYPPKKWWL IFYKKPNKPL KDVIGSLILL TYQGMPSSEFL 60
PFLWNFYVLS ILIMLWKQDL LEFPLQILGM QIFIFWTLCN RPILFFIFLT NSLMITLCH 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

5 YHWNLEVFGT LPIFGYITNC QHATHTTVGI LSKMLIDKSM KTYSKFHQNC IHILPIHGIF 60
NLLHLFSYVS TDFYTGISIL NQNIVFIFWL KICFLLFCSQ NMLHLSNHTI 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

10 (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

25 AAQAEAADRD AAAAGGGGRR HCERGEAAAQ GEPQHELAGH AALHAAPARD HPQAGQRVGA 60
LPAGEQDPEP DSRHAAAGQQ VQGPQAQVPA PGHTGPQPIR DHRAVEEHCO RVPSARPVPQ120
XPPAAPPRVY QPPTYNRIIN QISTNEIQSD QNLKVLPPPL PTMPTLTSLP SSTDKPSGPW180
RDCLQALEDG HDTSSIYLVK PENTNRLMQV WCDQRHDPGG WTVIQRRLDG SVNFFRNWET240
30 YKQGFGNIDG EYWLGLENIY WLTNQGNKYK LVTMEDWSGR KVFAEYASFR LEPSEYYKL300
RLGRYHGNAG DSFTWHNGKQ FTTLD RDHDV YTGNC AHYQK GGWWYNACAH SNLNGVWYRG360
GHYRSRYQDG VYWAEFRGGS YSLKKVMMI RPNPNTFH 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

35 (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVGIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMVAPQ POLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
PVNVLQAQPV FAINVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGV180

RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG XLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
YLLASCMSA VWFRIFFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ILFTKNNHHF ARTMRPLCVT CWWLGLLAAM GAVAGQEDGF EGTEEGSPRE FIYLNRYKRA 60
GESQDKCTYT FIVPQQRVTG AICVNSKEPE VLENRVHKQ ELELLNNELL KQKRQIETLQ120
25 QLVEVDGGIV SEVKLLRKES RNMNSRVTLQ YMQLLHEIIR KRDNALELSQ LENRILNQT180
DMLQLASKYK DLEHKYQHLLA TLAHNQSEII AQLRSTARGC PRPGSPSPXP PLPRPGSTNH240
PPTTASSTRS LPTRSRVTRT 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

30

(A) LÄNGE: 491 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

LLNSFSAAGS ARQDGGRRQW RWWEAQSKSD AD SGFLGLRP TSVDPALRRR RRGPRNKKRG 60
WRRLAQEPLG LEVDQFLEDV RLQERTSGGL LSEAPNEKLF FVDTSKEKG LTKKRTKVQK120
KSLLLKKPLR VDLILENTSK VPAPKDVLAH QVPNAKKLRR KEQLWEKLAK QGELPREVRR180
50 AQARLLNPSA TRAKPGPQDT VERPFYDLWA SDNPLDRPLV GQDEFFLEQT KKKGVKRP240
LHTKPSQAPA VEVAPAGASY NPSFEDHQT LSA AHEVELQ RQKEAEKLER QLALPATEQA300
ATQESTFQEL CKGLLEESDG EGEPGQEGEP DGGDAEVCPT PARLATTEKK TEQQRREKA360
VHRLRVQQA LRAARLRHQE LFPLRGIIKAQ VALRLAELAR RQRRRQARRE AEADKPRRLG420
RLKYQAPDID VQLSSELTD LRTLKPEGNI LRDRFKSFQR RNMIEPRERA KFKRKYKVKL480
55 VEKRAFREIQ L 491

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

RSRAALFFLF FFFSARRDFL LKGESPASDG SYNWISRNAR FSTSFTLYLR LNLALSRGSI 60
IFLLWKLLNR SRMLPSGFR VLSESVSSEL SCTMSGAWY LSRPSLRGLS ASASRRACRR120
LCRRASSASL RATWALIPRS GNSSWCRSRA ARNAACCTRS LCTAFSRRRC CSVFFSVVAR180
RAGVGQTSAS PPSGSPWPG SPSPSDSSSS PLHSSWNVDS WVAACSVAGR ASCRSSFSAS240
FCRCNSTSWA AESRVWSSK DGL 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSL SRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
AQLHVDVRC L VLEPSQPSGL VSLSLPRLP PPLPPRLRQ PQHGLGLDPA QREQLLVPEP120
GGPQRGLLYP QPVHSLPPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTVRPLALA WLPLTIRLLQ180
QPLAQLLECG LLGGGLLRGG QGQLPLQLLR LLLPLQLHLV GR 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPOSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHPSVMMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILLFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60
NLMGPEEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

5

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No 1-20 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1-62 und Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62 Seq. ID 121 bis Seq.ID 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID Nos. 1-62 und Seq. ID Nos. 121 - 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und und Seq. ID Nos. 131-151, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20 und Seq. ID Nos. 121 - 127 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID Nos. 63-117 und Seq. ID Nos. 131-151.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 und Seq. ID No. 121 bis Seq. ID No. 127.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

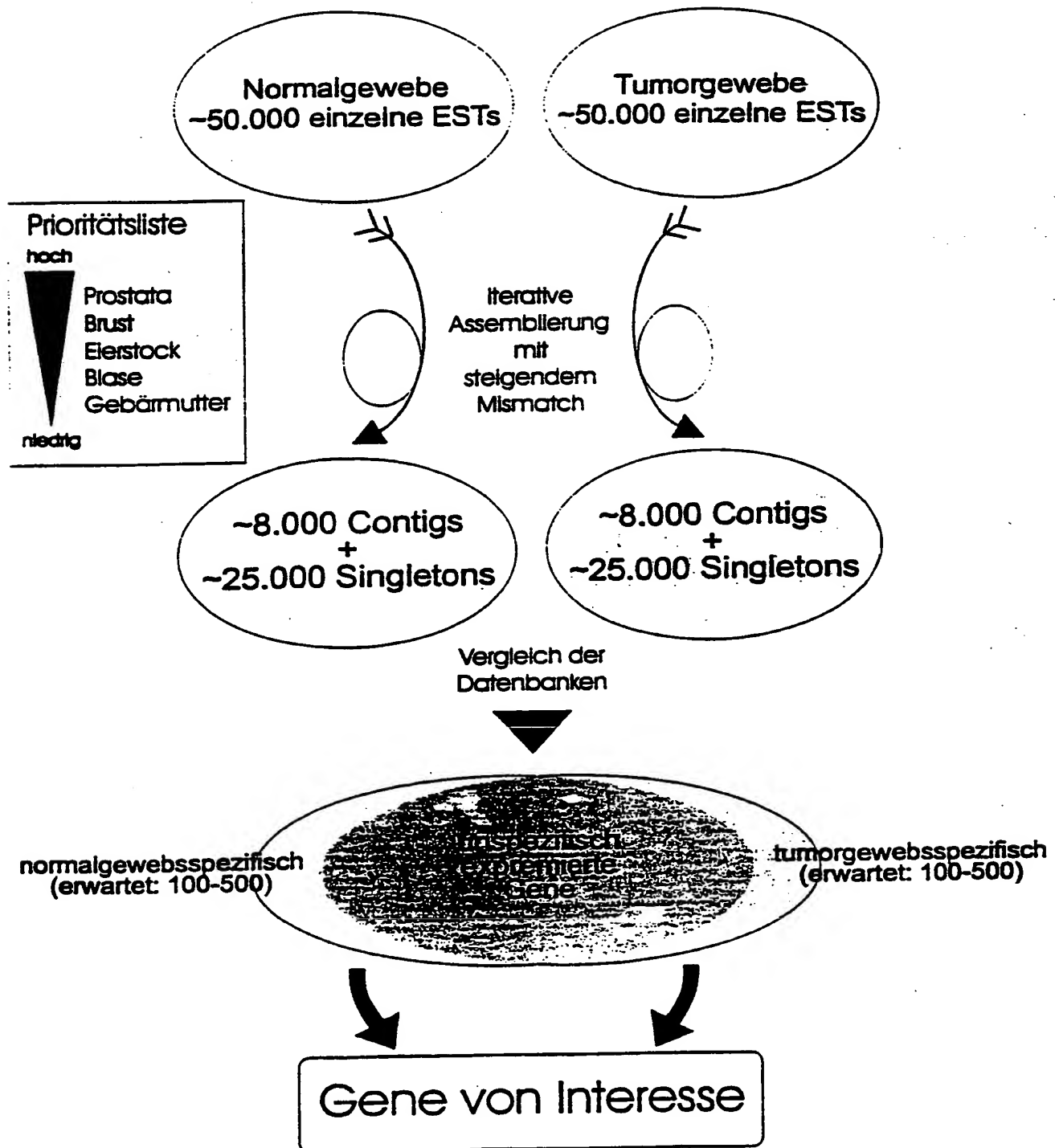


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

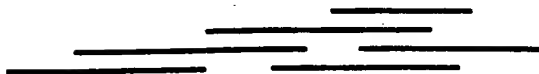
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



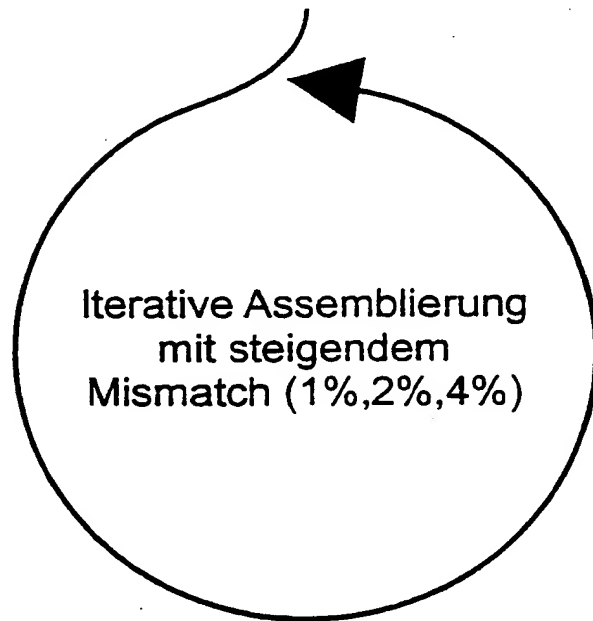
Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



**~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe**

Fig. 2a

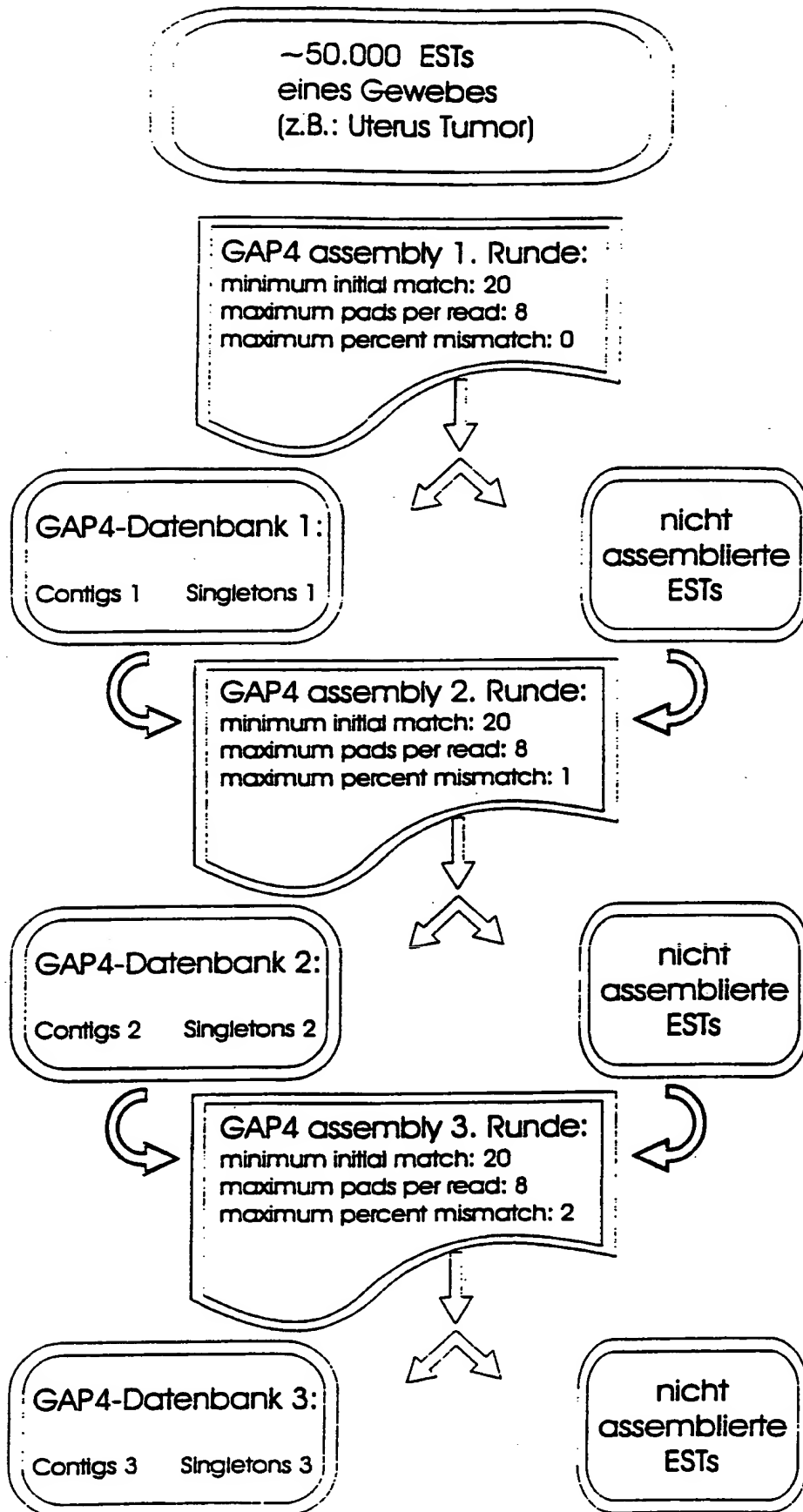


Fig. 2b1

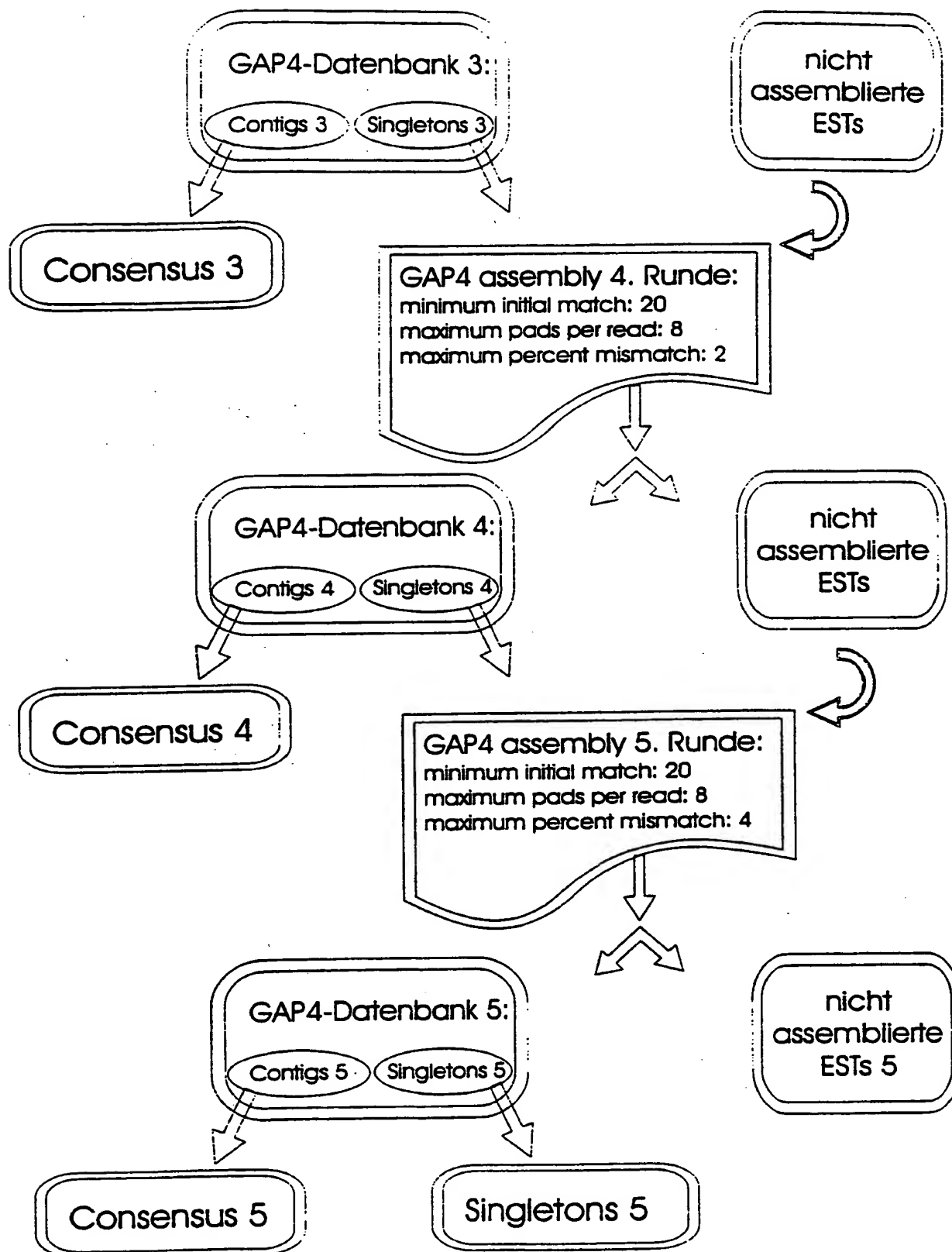


Fig. 2b2

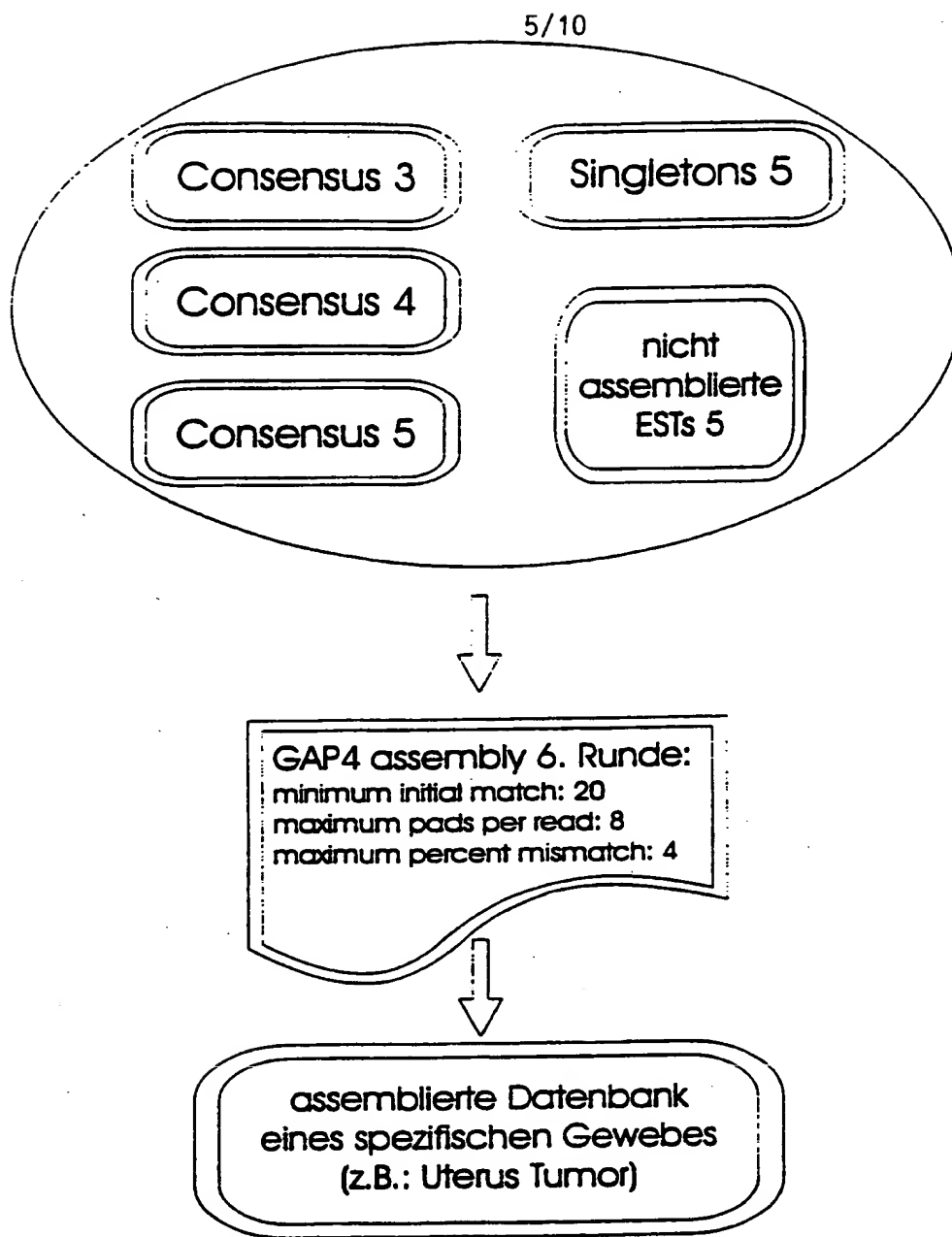


Fig. 2b3

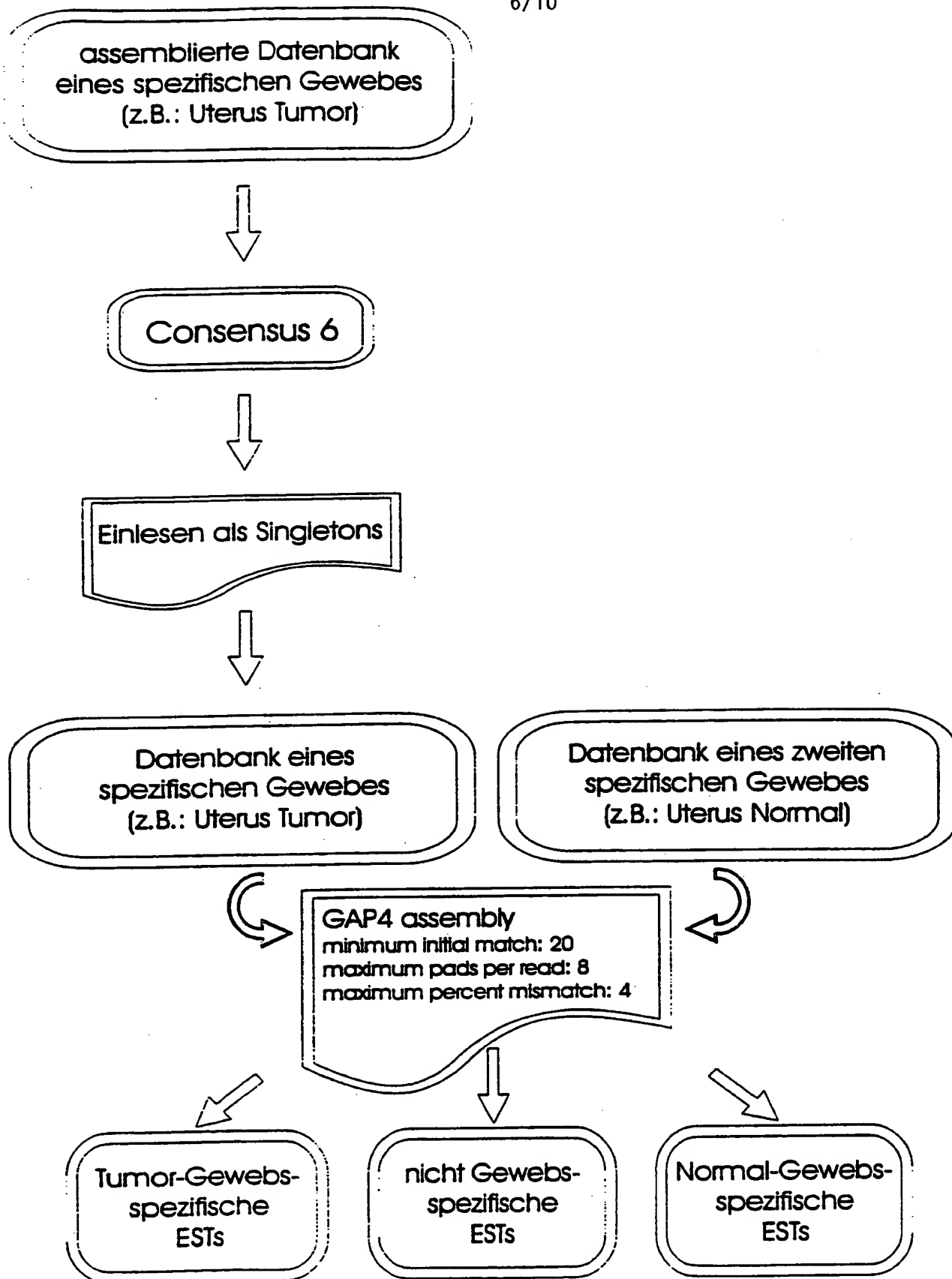
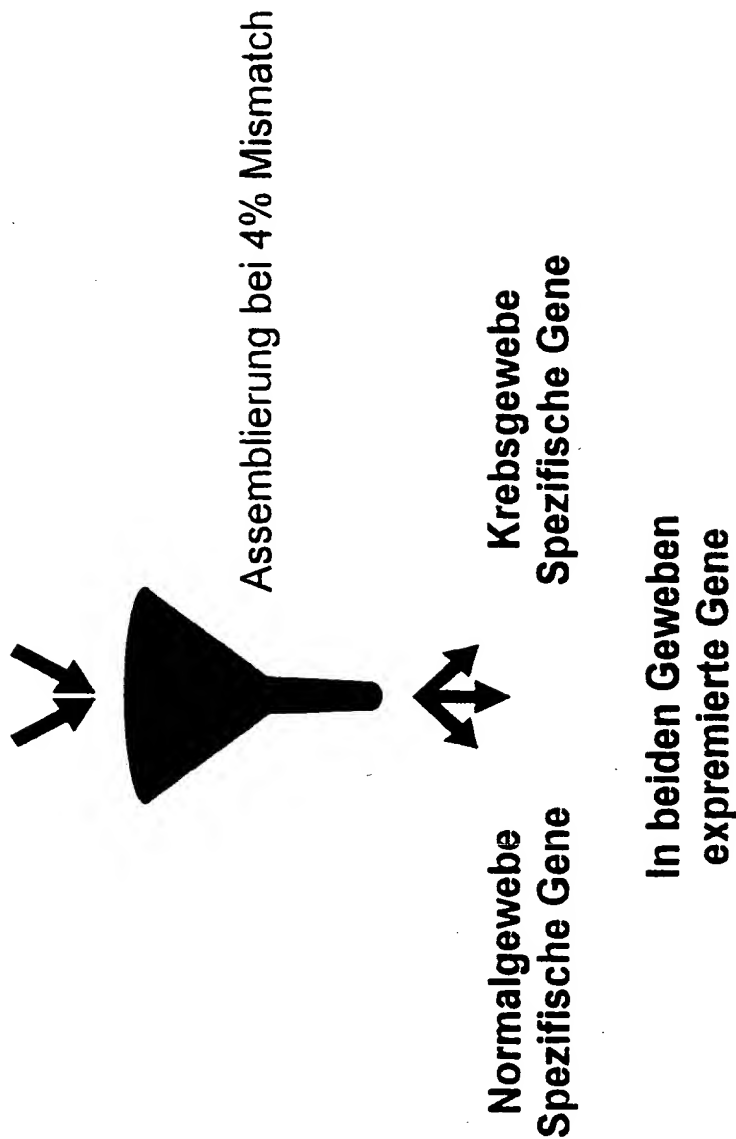


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



metaGen
Genetik für die Zukunft

Fig. 3

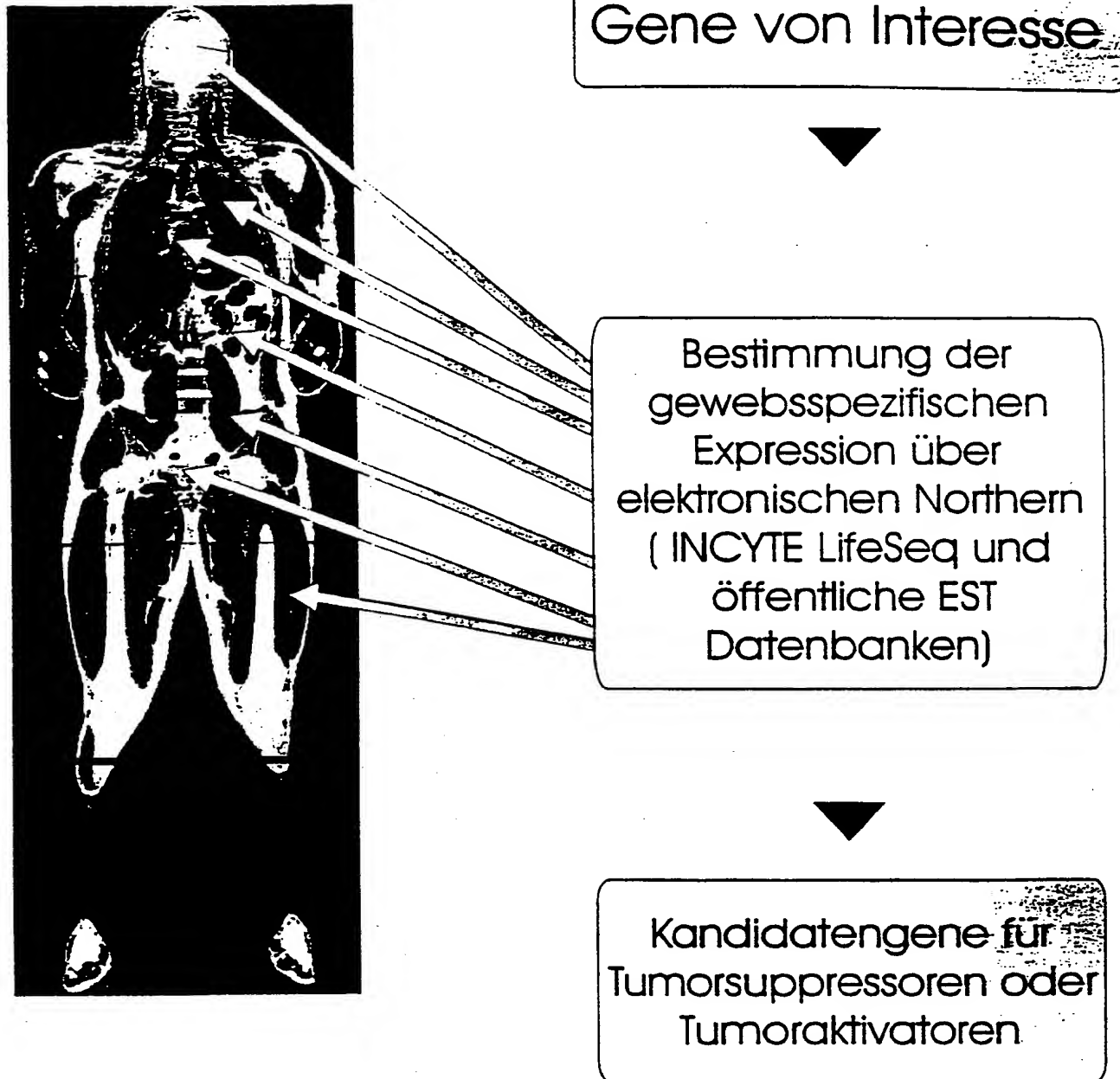


Fig. 4a

9/10

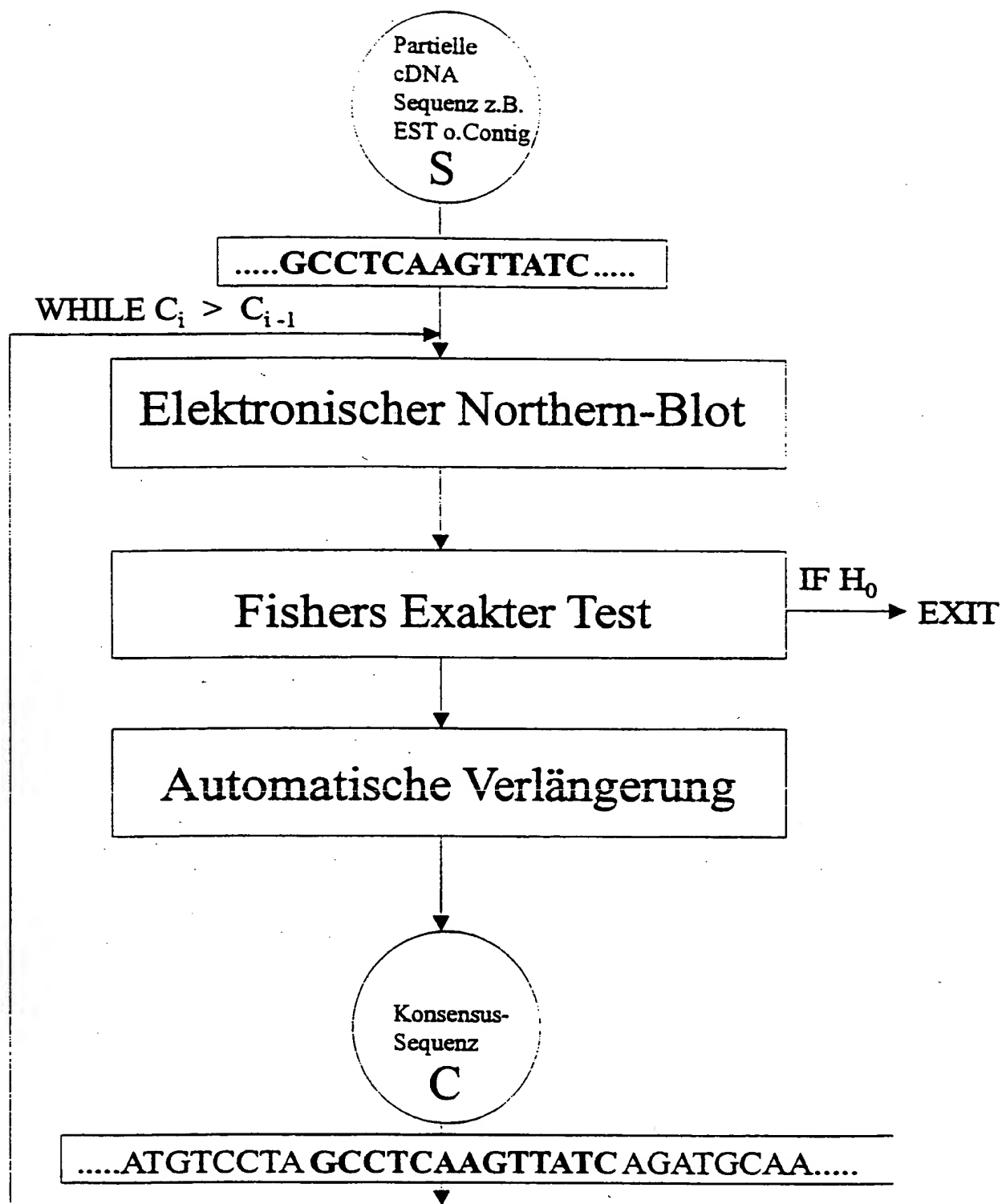


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen

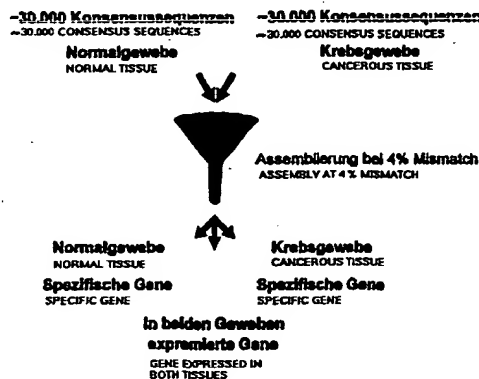


Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶: C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54353 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01175 (22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 946.4 17. April 1998 (17.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 20. Juli 2000 (20.07.00)

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL UTERUS TISSUE**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSNORMALGEWEBE**In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben**
IN SILICO SUBTRACTION OF GENE EXPRESSION IN VARIOUS TISSUES**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of normal uterus tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshjan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01175

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project - unpublished" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 7 September 1996 (1996-09-07), XP002129529 heidelberg, germany accession no.AA044253 ---	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 14 May 1997 (1997-05-14), XP002129530 heidelberg, germany accession no.AA418945 --- -/-	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *Z* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

3 February 2000

Date of mailing of the international search report

08.05.2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Holtorf, S

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01175

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 11 June 1997 (1997-06-11), XP002129531 heidelberg, germany accession no. AA451994 ---	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
A	CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastic (adenocarcinoma) human endometrium" GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036 the whole document ---	1-38
A	WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.: "characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism" MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY, vol. 101, 1994, pages 101-110, XP000874034 the whole document ---	1-38
A	WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L) 9 December 1993 (1993-12-09) the whole document ---	1-38
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application the whole document ---	1-38
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application the whole document ---	1-38
A	FANNON M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of therapeutic targets" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY,GB,ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE, vol. 14, no. 8, 1 August 1996 (1996-08-01), pages 294-298, XP004035748 ISSN: 0167-7799 ---	1-38

-/--

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern: al Application No

PCT/DE 99/01175

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	JANSA,P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes" THE EMBO JOURNAL, vol. 17, no. 10, 15 May 1998 (1998-05-15), pages 2855-2864, XP002129532 the whole document	1,2, 5-20,23, 24,26, 29,34,38
E	--- WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04) see SEQID 63 page 71	1-26,29, 32-38
T	--- SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues." NUCLEIC ACID RESEARCH, vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11), pages 4251-4260, XP002129533 the whole document -----	1-38

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/ 01175

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

see Invention 1.

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE99/01175

The International Search Authority found that this international application contains multiple inventions as follows :

Invention No. 1 : Claims Nos. 1-38 (all in part)

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID 1, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the SEQ ID 1 sequence. Polypeptide (partial) sequences relating to SEQ IDs 63-65 (table 2) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide (partial) sequence relating to SEQ IDs 63-65.

Inventions Nos. 2-27 : Claims Nos 1-38 (all in part)

As for Invention No. 1 but relating to nucleic acid sequences SEQ IDs 2-20 and 121-127 and the corresponding polypeptide partial sequences as described in table 2 or in the sequence protocol.

Inventions Nos. 28-69 : Claims Nos. 3,4, 5-22, 28-38 (all in part)

Nucleic acid sequences respectively relating to SEQ IDs 21-62 ; BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, , in addition to a host cell containing this sequence. . Uses of said nucleic acid sequences and method for the production of a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment coded by the sequences according to SEQ ID 21-62.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/DE 99/01175

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9324655 A	09-12-1993	EP 0642590 A US 5665544 A	15-03-1995 09-09-1997
WO 9955858 A	04-11-1999	DE 19820190 A	04-11-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
 C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
 G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPC 6 C12N C07K C12Q

Recherchierte, aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project - unpublished" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 7 September 1996 (1996-09-07), XP002129529 heidelberg, germany beitritt no.AA044253	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 14 Mai 1997 (1997-05-14), XP002129530 heidelberg, germany beitritt no.AA418945	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen:

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" Einzelnes Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

03 Februar 2000 (03.02.00)

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

08 Mai 2000 (08.05.00)

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Bevollmächtigter Bediensteter

Telefaxnr.

Telefonnr.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

C (Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	HILLIER, L., ET AL.: "the WashU-Merck EST project 1997" EMBL SEQUENCE DATA LIBRARY, 11 Juni 1997 (1997-06-11), XP002129531 heidelberg, germany beitritt no. AA451994 ---	1,2, 5-10,14, 15,23, 24,26, 34,38
A	CRESCENZI, E., ET AL.: "identification of differentially expressed mRNAs in normal and neoplastic (adenocarcinoma) human endometrium" GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 63, November 1996 (1996-11), pages 228-233, XP000874036 das ganze dokument ---	1-38
A	WANG, Y. AND MIKSICEK, R.J.: "characterization of estrogen receptor cDNAs of human uterus: identification of a novel PvuII polymorphism" MOLECULAR AND CELLULAR ENDOCRINOLOGY, vol. 101, 1994. Seiten 101-110, XP000874034 das ganze dokument ---	1-38
A	WO 93 24655 A (AMERSHAM INT PLC ;CHENCHIK ALEXANDER ANATOLJEVIC (RU); DIACHENKO L) 9 Dezember 1993 (1993-12-09) das ganze dokument ---	1-38
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 zitiert im application das ganze dokument ---	1-38
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 zitiert im application das ganze dokument ---	1-38
A	FANNON M R: "Gene expression in normal and disease states - identification of therapeutic targets" TRENDS IN BIOTECHNOLOGY,GB,ELSEVIER PUBLICATIONS, CAMBRIDGE, vol. 14, no. 8, 1 August 1996 (1996-08-01), Seiten 294-298, XP004035748 ISSN: 0167-7799 ---	1-38

-/--

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

C (Fortsetzung). ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	JANSA, P., ET AL.: "cloning and functional characterization of PTRF, a novel protein which induces dissociation of paused ternary transcription complexes" THE EMBO JOURNAL, vol. 17, no. 10, 15 Mai 1998 (1998-05-15), seiten 2855-2864, XP002129532 das ganze dokument ---	1,2, 5-20,23, 24,26, 29,34,38
E	WO 99 55858 A (SCHMITT ARMIN ;SPECHT THOMAS (DE); DAHL EDGAR (DE); HINZMANN BERND) 4 November 1999 (1999-11-04) siehe SEQID 63 seite 71 ---	1-26,29, 32-38
T	SCHMITT AO. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumour tissues." NUCLEIC ACID RESEARCH, vol. 27, no. 21, November 1999 (1999-11), seiten 4251-4260, XP002129533 das ganze dokument -----	1-38

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/ 01175

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich _____

2. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich _____

3. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr. _____

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

siehe Erfindung 1.

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

Erfindung 1: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 1 Sequenz kodiert wird. Polypeptid(teil)sequenzen sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid(teil)sequenz sich beziehend auf SEQ IDs 63 bis 65.

Erfindungen 2 bis 27: Ansprüche 1-38 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 2-20 und 121-127 den korrespondierenden Polypeptid(teil)sequenzen wie in der Tabelle 2 oder dem Sequenzprotokoll beschrieben.

Erfindungen 28 bis 69: Ansprüche 3,4,5-22,28-38 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenzen sich respectiv beziehend auf SEQ IDs 21-62; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenzen enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenzen und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von den Sequenzen gemäss SEQ ID 21-62 kodiert wird.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT
Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01175

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument		Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
WO 9324655	A	09-12-1993	EP	0642590 A	15-03-1995
			US	5665544 A	09-09-1997

WO 9955858	A	04-11-1999	DE	19820190 A	04-11-1999
